Origins

NÚMERO 2 2004

Versión en español
editada por:

Aula7activ@

Edición en inglés:

Edita
Geoscience Research Institute (afiliado a la Universidad Andrews, Berrien Springs, Michigan)
11060 Campus Street, Loma Linda, California 92350, U.S.A.

Redactor jefe
Dr. L. James Gibson

Redactor jefe adjunto
Katherine Ching

Redacción
Dr. Leonard R. Brand
Dr. Robert H. Brown
Dr. Benjamin L. Clausen
Dr. Harold G. Coffin
Dr. Raúl Esperante
Dr. Elaine Kennedy
Dr. Ariel A. Roth
Dr. Timothy G. Standish
Dr. D. Clyde L. Webster

Consultores
Dr. Niels-Erik Andreasen
Dr. John T. Baldwin
Dr. Ronald L. Carter
Dr. Arthur V. Chadwick
Dr. Ivan G. Holmes
Dr. George T. Javor
Dr. Edwin A. Karlow
Dr. George W. Reid
Dr. Ivan E. Rouse
Dr. William H. Shea
Dr. Kurt P. Wise
Dr. Randall W. Younker

ORIGINS es una publicación periódica sin ánimo de lucro cuyo propósito es facilitar información relacionada con los orígenes y la historia del mundo natural. Esta publicación aborda las cuestiones relacionadas con el inicio de la vida desde un enfoque multidisciplinar. Las opiniones expresadas en los artículos son las de sus autores y no tienen que coincidir forzosamente con las del Geoscience Research Institute.

Edición en español:

Edita
Aula7activa
Garcia i Fària, 57-59, 4t, 2ª
08019 Barcelona
Tel.: +34 933032646
Fax: +93 3032693
E-mail: info@aula7activa.org
Web: www.aula7activa.org / www.aeguae.org

Coordinación de Gestión
Mercè Gascón Pomar

Coordinación de Edición
Francisco Giménez Rubio

Coordinación de Redacción
Ramon-Carles Gelabert i Santané

Equipo Coordinador
Eva Basterra Alonso
Esther Amigó Marset
Marta Muñoz Porta
Rubén Sánchez Sabaté

Soporte Informático
Albert Prat Amigó

Traducción
Daniel Bosch Queralt

Revisión Científica
Josep Antoni Álvarez
Raúl Esperante Caamaño
Celedonio García-Pozuelo Ramos

Diseño gráfico y maquetación
Esther Amigó Marset

Depósito Legal: B-6935-2004

© 2002, Geosciencie Research Institute
© 2004, Aula7activa-AEGUAE, en español para todo el mundo

Aula7activa es la editora sin ánimo de lucro de la Asociación de Estudiantes y Graduados Universitarios Adventistas de España (AEGUAE)

SUMARIO

5 Editorial
¿Un mecanismo para el cambio rápido?
L. James Gibson

9 Artículo
El *proceso Ega*: la rápida diversificación intrabaramínica posdiluvial fue causada por los *elementos genéticos altruistas* (EGA)
Todd Charles Wood

53 Reseñas bibliográficas

71 Comentarios bibliográficos
Creation Reconsidered: Scientific, Biblical, and Theological Perspectives. James L. Hayward, ed. 2000. Roseville (California): Association of Adventist Forums, 2000.
Comentado por Paul Giem, Loma Linda, California.

Science and Its Limits. (Philosophy of Science, 2ª ed.). Ratzsch D. Downer's Grove (Illinois): InterVarsity Press, 2000.
Comentado por L. James Gibson

La variación en el color de los granos de maíz indio produce en las mazorcas una gama casi infinita de modelos de alternancia entre franjas rojas, moradas y amarillas. En esta entrega de *Origins*, Todd Wood sugiere que los mismos transposones causantes de esta variabilidad en los granos de maíz pueden ser los responsables de la rápida evolución de la variación de los organismos tras el Diluvio del Génesis. Fotografías cedidas por Katherine Ching, Raúl Esperante y Timothy Standish.

Nota a la presente edición: La edición española de *Origins* sigue fielmente el contenido de la edición original inglesa, sin proceder a selección o añadido alguno. El presente número de *Origins* (ed. esp.), nº 2, año 2004, corresponde al número 54, año 2003 de *Origins* de la edición original inglesa.

EDITORIAL

¿UN MECANISMO PARA EL CAMBIO RÁPIDO?

L. James Gibson

Del Ratzsch, en un libro muy recomendado,[1] pone de manifiesto que las críticas que evolucionistas y creacionistas se dirigen mutuamente se deben a posiciones más imaginarias que reales. Uno de los malentendidos más comunes es la afirmación de que los creacionistas creen en la invariabilidad de las especies;[2] lo que ha dado origen a declaraciones dogmáticas en el sentido de que la teoría creacionista es falsa porque el arca de Noé no podía contener todas las especies de escarabajos y otros animales. Argumentos como estos, a ojos de muchos creacionistas, parecen sesgados. Consideramos improbable que ningún creacionista crea que el arca llegara a albergar más de 250.000 especies de escarabajos. Una de las razones por las que esta crítica parece sesgada es que el creacionismo contempla la posibilidad de que las especies cambien. Sin embargo, nuestro objetivo no es esclarecer si todas las especies de escarabajos dependieron del arca para sobrevivir.

La Biblia incluye varias declaraciones que indican que las especies pueden cambiar. El capítulo 3 de Génesis recoge la historia del pecado de Adán y Eva, seguida de las maldiciones proclamadas sobre la naturaleza. El resultado de esas maldiciones fue que las serpientes se arrastran sobre el vientre y la apari-

ción de los cardos y las espinas. Si esas condiciones ya se hubieran dado, no se hubieran podido atribuir a las maldiciones resultantes del pecado. Por lo tanto, esas especies tuvieron que cambiar. Otro indicio de que las plantas cambiaron se encuentra en Génesis 2: 5, en donde se afirma que algunos tipos de plantas todavía no habían aparecido.[3] Parece que el texto se refiere a las especies de plantas xerófitas espinosas, comunes actualmente en Israel; pero los cambios que dieron como resultado esas plantas no tuvieron lugar en la época de la creación de Adán. En Génesis 6: 12 leemos que «toda carne» había corrompido su camino y la tierra estaba llena de violencia. Esto justifica la decisión de Dios, recogida en el versículo 7, de destruir no solo a los seres humanos sino también a los animales. Parece ser que toda la naturaleza estaba afectada negativamente por los cambios introducidos con el pecado.[4] Puesto que en el Edén las plantas eran la única fuente de alimento de los animales,[5] los hábitos predadores de muchas especies son otro cambio acaecido desde la creación. Lo es también el dolor asociado con el parto, maldición recogida entre otras en Génesis 3: 14-19. En la teoría creacionista, la idea de que los cambios importantes ocurrieron como consecuencia del pecado ocupa un lugar importante.

Esta creencia en la inmovilidad de las especies no es la única crítica que se levanta contra el creacionismo. Resulta una ironía que los creacionistas también sean objeto de críticas por creer que los cambios se producen a una velocidad mayor. Si los hábitos predadores, el parasitismo y la patogénesis son consecuencias del pecado, significa que debieron aparecer en un lapso de tiempo relativamente corto, en comparación con las largas eras de la teoría evolucionista convencional. Los evolucionistas han sostenido generalmente que las especies cambian muy lentamente, aunque su visión al respecto está cambiando… lentamente. Algunos estudios recientes demuestran que las especies pueden cambiar a una velocidad mucho ma-

yor de la que se deduce de los registros fósiles,[6] si bien la intensidad del cambio es relativamente menor.

¿Será posible que las especies cambien tan rápidamente que baste una cronología de unos cuantos miles de años para explicar el cambio desde el estado edénico hasta la violencia que se observa actualmente en las poblaciones naturales? La velocidad del cambio en las especies está relacionada, probablemente, con el mecanismo que lo genera. Aunque todavía no comprendemos bien el mecanismo subyacente a los cambios morfológicos y de comportamiento, parece improbable que las mutaciones puntuales y aleatorias sean la fuerza dominante. Quizá haya otro mecanismo aún por descubrir. Invitamos al lector para que, teniendo presente esta idea, dedique su atención al artículo de Todd Wood que se publica en esta edición. En él, el Dr. Wood presenta una hipótesis para explicar los cambios rápidos en las especies. ¿Es posible que los elementos móviles estén relacionados con algún mecanismo destinado originariamente para ayudar a las especies en su adaptación al entorno cambiante? ¿Y no podría ser que tal mecanismo hubiese degenerado de algún modo hasta llegar a ser lo que observamos en la actualidad? Quizá sea demasiado pronto para decirlo. Hasta el momento es una idea que no ha sido probada y, por eso, debe ser considerada como una hipótesis. Sin embargo, es probable que merezca ser considerada seriamente.

NOTAS

1 Ratzsch D. *The battle of beginnings: why neither side is winning the creation-evolution debate*. Downers Grove (Illinois): InterVarsity Press, 1996.

2 Con frecuencia, los pequeños cambios se presentan como prueba contra el creacionismo; ver por ejemplo: *a*) Berra TM. *Evolution and*

the Mith of creationism. Palo Alto (California): Stanford University Press, 1990. *b*) Miller KR. *Finding Darwin's God*; Nueva York: Perennial Books, 2002. Ver también los artículos de James Meritt y Mark Isaac en www.talkorigins.org.

3 Younker R.W. «Genesis 2: a second creation acount?». En: Baldwin JT, ed. *Creation, Catastrophe and Calvary*. Hagerstown (Maryland): Review and Herald Publishing Association, 2001; 69-78.

4 Romanos 8: 19-23

5 Génesis 1: 29-30

6 Hendry AP, Kinnison MT. The pace of modern life: measuring rates of contemporary microevolution. Evolution 1999; 53: 1.637-1.653

ARTÍCULO

EL *PROCESO EGA*:[1] LA RÁPIDA DIVERSIFICACIÓN INTRABARAMÍNICA POSDILUVIAL FUE CAUSADA POR LOS *ELEMENTOS GENÉTICOS ALTRUISTAS* (EGA)

Todd Charles Wood[2]

RESUMEN

Se propone una solución al problema de la rápida diversificación posdiluvial de los baramines: la transposición de material genético. Los elementos genéticos móviles[3] (a partir de ahora los denominaremos *elementos genéticos altruistas*, EGA) cumplen los tres criterios que explican la diversificación posdiluvial: 1) alteran permanentemente el genoma, 2) sus alteraciones pueden ser específicas de un gen y beneficiosas y 3) su actividad beneficiosa se concentró en el pasado. Se estudian trece fenómenos biológicos con respecto a las teorías de diversificación evolucionista y creacionista y a la hipótesis del proceso de los EGA. Todos ellos se pueden explicar potencialmente mediante los EGA, mientras que la evolución solo explica siete y solo uno (la hibridación intrabaramínica) puede ser explicado por las teorías creacionistas previas.

INTRODUCCIÓN

Desde 1941, los biólogos creacionistas modernos admiten abiertamente y sin reservas la realidad de la especiación. En su libro *Fundamental biology*, Frank Marsh escribe: «Quien piense que las especies (modernas) de animales y plantas permanecen fijas a través de las generaciones debería examinar el registro de la naturaleza para descubrir su error. La variación es una de las leyes más invariables en el mundo de la biología» (Marsh 1941, pág. 101). Ligando el origen de los peces, de las aves, de las plantas, de los animales terrestres y del hombre a actos de creación separados, la Biblia registra claras discontinuidades entre los seres vivos. Por ese motivo, deberemos limitar el alcance de la especiación puesto que no puede ser la fuente de toda la diversidad de la vida. Para reconciliar esas observaciones, Marsh acuñó el término *baramín* (tipo creado) que delimita el ámbito de variación. La especiación tiene lugar en el ámbito de un baramín, pero jamás ocurrirá de un baramín hacia otro. Marsh dedicó la mayor parte de su vida profesional a promover el concepto del baramín entre sus colegas creacionistas. Sin embargo, la aceptación y la aplicación de sus ideas fue lenta.

Los creacionistas que aceptaron el concepto de Marsh no tardaron en adaptar los baramines a la explicación de la capacidad del arca del Diluvio (Whitcomb y Morris, 1961, pág. 66 y ss.; Woodmorappe, 1996, pág. 55 y ss.). Así, Jones (1973) propone que en el arca no había más de 2.000 animales. En tiempos más recientes, los creacionistas adoptaron y adaptaron la terminología de Marsh (Siegler, 1974; Wise, 1990; ReMine, 1993, cap. 24; Robinson, 1997), pero los estudios reales sobre organismos son raros. Los escasos análisis de los baramines, muestran que los baramines presentan una amplia y elevada variabilidad; lo que apoya la baja estimación de Jones con respecto a la reducida población animal del arca. De acuerdo con la investigación baraminológica reciente, los creacionistas

han identificado cuatro familias de mamíferos con otros tantos baramines: félidos (Mehlert, 1995; Robinson y Cavanaugh, 1998b), camélidos (Wood *et al.*, 1999), équidos (Marsh, 1947, pág. 177; Stein-Cadenbach, 1993; Wood *et al.*, 2001) y cánidos (Siegler, 1974; Crompton, 1993).

En los primeros pasajes bíblicos ya aparecen especies de estos cuatro baramines de mamíferos (Tabla 1), con lo que se pone de relieve la rápida especiación intrabaramínica, a la que Wise (1994, 1995b) da el nombre de *diversificación*. Si aceptamos la afirmación de que solo dos miembros de cada baramín terrestre (e impuro) sobrevivieron al Diluvio, deberemos aceptar también un período de rápida diversificación intrabaramínica basado en la aparición de las especies modernas poco tiempo después del Diluvio. Por ejemplo, Robinson y Cavanaugh (1998b) siguen a Mehlert (1995) cuando asignan todos los félidos existentes a un único baramín. Si están en lo cierto, las especies de félidos modernas descienden de una sola pareja de félidos que entró en el arca. Si esta es la representación real de la historia del baramín félido, la filogénesis de Mattern y McLennan (2000) deberá ser, por lo tanto, una historia posdiluvial (Figura 1A). Job menciona a los leones en cuatro pasajes distintos (Tabla 1) por lo que, considerando que Job es, con toda probabilidad, contemporáneo de Abraham, podemos deducir que aparecieron durante los primeros siglos después del Diluvio. Puesto que los leones aparecen en una rama reciente del árbol de Mattern y McLennan, podemos llegar a la conclusión de que la diversificación de los félidos deberá ser reducida a unos pocos centenares de años tras el Diluvio (Figura 1B). Sería posible construir un argumento similar para los otros tres baramines de mamíferos incluidos en la Tabla 1.

La magnitud de la variación requerida para producir todas las especies de félidos (cánidos, équidos o camélidos) en un espacio de tiempo tan corto es, con toda seguridad, totalmente distinta a la variación o especiación que se observa en el pre-

Tabla 1. Especies modernas de baramines terrestres mencionadas en tiempos bíblicos remotos

Baramín	Nº de especies	Ref. bíblica	1ª referencia*	Refs. de baramines
Félidos	17 vivas	**Leones:** Job 4: 10-11, 10: 16, 28: 8, 38: 39	367	Mehlert 1995 Robinson y Cavanaugh 1998b
Camélidos	5 vivas >200 fósiles	**Dromedarios:** Génesis 12: 16	367	Wood *et al.* 1999
Équidos	6 vivas >150 fósiles	**Caballos:** Génesis 12: 16, 16: 12, 47: 17	367	Marsh 1947 Stein-Cadenbach 1993 Wood *et al.* 2001
Cánidos	34 vivas	**Lobo:** Génesis 49: 27 **Perro:** Éxodo 11: 7	599	Siegler 1974 Crompton 1993

*La fecha se da en años después del Diluvio, calculados según la genealogía de Génesis 11 (Biblia inglesa *King James*)

sente. Según se deduce de los estudios citados más arriba, se pueden hacer tres observaciones sobre la causa (o las causas) de la diversificación intrabaramínica. En primer lugar, a causa de la estabilidad morfológica aparente de las especies, se deduce que la diversificación debe ser causada por una alteración permanente en los genomas de los organismos. Por ejemplo: los tigres siempre tienen franjas. Es probable que la saturación de las franjas pardas varíe, pero todos y cada uno de los miembros de la especie *Panthera tigris* tienen franjas negras. La estabilidad de las franjas en el linaje de los tigres es

un argumento a favor de la estabilidad del mecanismo genético que las produce. En segundo lugar, parece que la rapidez de la diversificación elimina los mecanismos neodarwinianos de la lista de posibles causas. Para producir una diversificación tan rápida, los mecanismos deben especificar de algún modo las alteraciones. Y en tercer lugar, ya que no se observa especiación alguna en el ámbito de la diversificación intrabaramínica, se llega a la conclusión de que esta ha cesado. Por consiguiente, los mecanismos de diversificación deberían incluir un modo de poner fin a ese proceso tras un tiempo limitado.

Los creacionistas han propuesto varias soluciones al problema de la especiación aceptando, habitualmente, algún mecanismo evolutivo. Según indica John Morris, «los creacionistas están de acuerdo con cambios pequeños o microevolutivos» (Morris, 1999, pág. 6). Si bien no hay ninguna duda de que Morris está en lo cierto, los mecanismos microevolutivos y de especiación invocados como explicaciones de la diversificación deberían ser observados a la luz de las tres circunstancias más arriba indicadas. Los mecanismos de diversificación creacionistas se dividen en tres categorías generales y algunos creacionistas aceptan más de una de ellas. La primera categoría de mecanismo de especiación es el cambio real del material genético, tal como ocurre con las mutaciones o la recombinación. Este mecanismo está defendido por Jones (1982) y Marsh (1983). La segunda de las categorías de mecanismos empleados para explicar la especiación es la hibridación. Únicamente Marsh (1983) se declara partidario de ella. La tercera es, con creces, la que cuenta con más adeptos: el fraccionamiento de un reducido grupo de antepasados heterocigotos (genéticamente muy variados) o *fraccionamiento heterocigótico*, si se quiere decir abreviadamente. Siegler (1974), Morris (1974), Parker (1980), Scherer (1993), Batten (1996) y Wieland (1997) recurren a algún tipo de fraccionamiento heterocigótico para explicar la especiación.

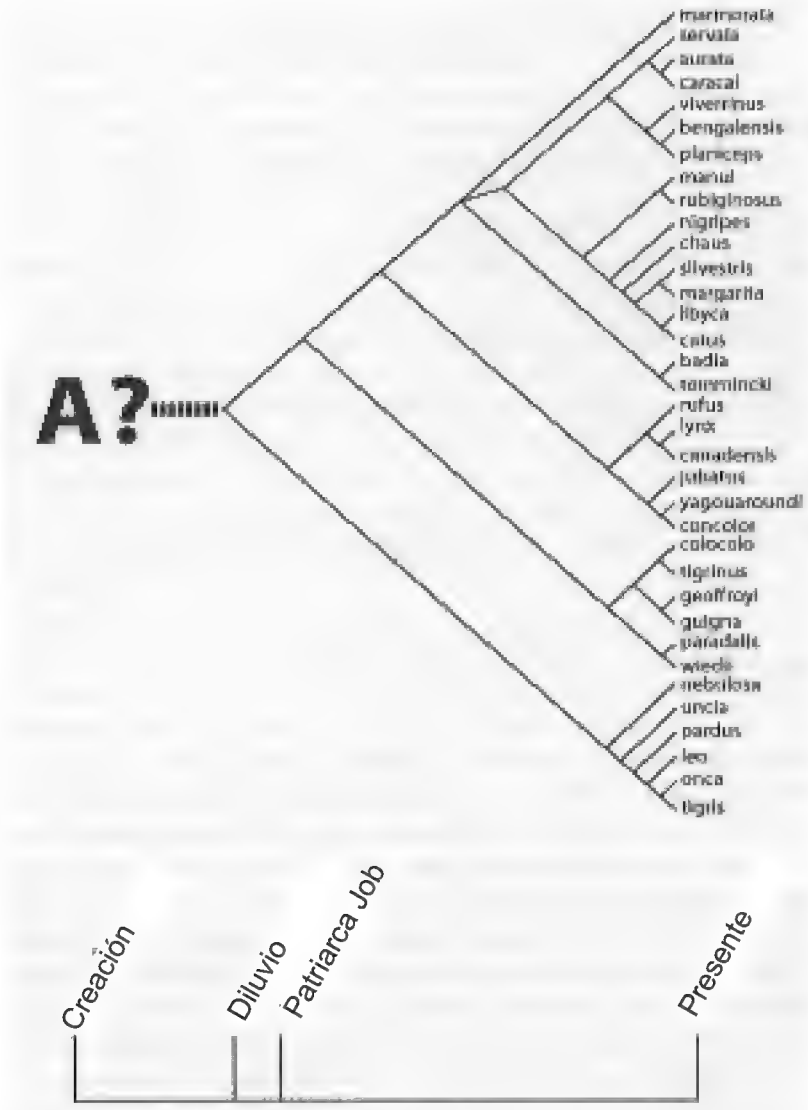
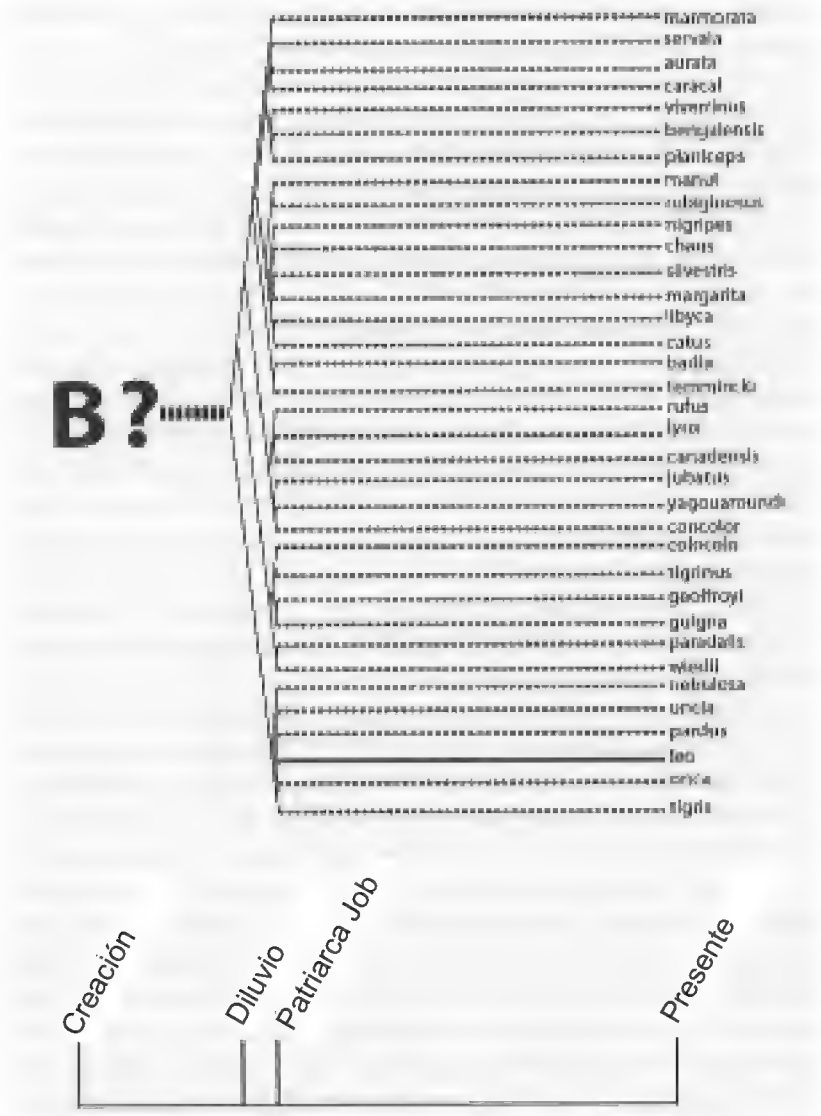


Figura 1: Modelo de posible diversificación del baramín de los félidos. A: Filogenia de los félidos determinada por Mattern y McLennan (2000). B: Filogenia de A comprimida a una escala de tiempo creacionista. El linaje del león está indicado como una línea continua que selecciona la estasis relativa de la especie desde los tiempos de Job (ver tex-



to). Se presume que las especies de félidos que aún existen tienen un origen similar, si bien los tiempos de emergencia de otros grupos no están claros en este momento. En consecuencia, los otros linajes de félidos están marcados con líneas discontinuas. Para más información sobre las especies listadas, ver Mattern y McLennan (2000).

Ahora podemos comparar estas tres categorías de mecanismos de especiación con las tres circunstancias de diversificación intrabaramínica para determinar si tales mecanismos son suficientes. En primer lugar, la alteración genómica o genética es un cambio genético permanente; con lo que cumple uno de los criterios de un mecanismo de diversificación. Actualmente, la recombinación y la mutación ocurren a una velocidad muy reducida; por lo que este mecanismo solo no basta para explicar dos de las tres características de la diversificación. En segundo lugar, la hibridación, en el sentido en que Marsh la utiliza, podría ser un cambio permanente, pero actualmente sigue teniendo lugar. La hibridación requiere una diversidad inicial del baramín para producir linajes que se puedan hibridar. Los linajes difusos de mamíferos que siguieron al Diluvio podrían carecer de tal diversidad; de ahí que la hibridación no explique suficientemente la diversificación. El fraccionamiento heterocigótico tiene un ejemplo moderno: los perros. Es conocido que todas las razas del perro domestico descienden del lobo gris y que la mayoría de las razas modernas aparecieron durante los últimos 500 años. Por lo tanto, el fraccionamiento heterocigótico parece ser capaz de producir un cambio rápido cuando se emparejan los animales bajo una presión de selección extrema (artificial). Si aceptamos que los restos de catastrofismo posdiluvial generaron una fuerte presión selectiva para la diversificación, entenderemos que la lenta reducción del catastrofismo residual también trajo consigo el final de la diversificación.

Desgraciadamente, hay dos aspectos del fraccionamiento heterocigótico que no se ajustan a la diversificación tal como la describimos más arriba. En primer lugar, si bien la selección puede generar una diversidad fenotípica en un corto espacio de tiempo, no basta para producir un aislamiento reproductivo que asegure el establecimiento de morfologías estables y persistentes. Tal como gustan de indicar los creacionistas, todas

las razas de perros continúan siendo la misma especie. Además, si se les dejara abandonados a sí mismos, los perros de pura raza se cruzarían entre ellos y darían mestizos que generación tras generación se irían pareciendo cada vez más al lobo. Por esta razón, los cambios resultantes del fraccionamiento heterocigótico no generarían verdaderas especies en el tiempo disponible. Sería necesario un mecanismo de aislamiento adicional. Una segunda, y aún más importante, dificultad con la que se encuentra el fraccionamiento heterocigótico es el origen de la diversidad genética inicial. Algunos creacionistas no dudan en atribuir la diversidad genética inicial a la creación directa de Dios (Siegler, 1974; Weston y Wieland, 1994). Si supiéramos que a lo largo de la historia los baramines no han tenido que cruzar ningún cuello de botella, un pequeño grupo de genes creados podría explicar el origen de la diversidad genética. Sin embargo, el Diluvio fue un tremendo cuello de botella para todos los baramines de animales terrestres; y, probablemente, también lo fue para otros baramines. Después del Diluvio, para cada locus habría un máximo de cuatro alelos (en el caso de los animales impuros, o 28, si eran puros). Una observación de la moderna diversidad revela una diversidad mayor que solo cuatro alelos por locus y baramín en varios *loci* (por ejemplo, ver Tilley y Mahoney, 1996). De nuevo es precisa otra explicación para aclarar el origen de esos nuevos alelos.

¿Podríamos combinar explicaciones y, de ese modo, llegar a aclarar la diversificación intrabaramínica? Por ejemplo, ¿pueden las mutaciones generar nuevos alelos en un grupo de genes que, por ese motivo, queda fraccionado? Parece que este modo de ver las cosas puede resolver los problemas de los mecanismos aislados, pero en realidad solo es su mera combinación. Recurrir a la mutación como origen de la diversidad alélica, al igual que la mutación sola, adolece de rapidez. El escollo de la tasa de mutaciones solo se puede salvar si se acep-

ta una elevada tasa de mutaciones beneficiosas que no se da hoy en día, y no con el emparejamiento de mutaciones mediante un fraccionamiento heterocigótico. De esta breve observación, concluimos que los mecanismos de especiación tal como los conciben los creacionistas son inadecuados para explicar la diversificación. Ya en 1974, Lammerts reconoció este mismo problema. En lugar de un mecanismo que se base en la selección natural, propuso que en Babel, coincidiendo con la confusión de lenguas, Dios incrementó la variabilidad de todos los baramines (Lammerts y Howe, 1974). Propuso esta teoría por el hecho de que no podía pensar en ninguna explicación natural, si bien permaneció abierto a ellas (Lammerts, 1988).

Es curioso que la mayoría de los creacionistas haya hecho caso omiso a un mecanismo de especiación usado frecuentemente por los botánicos. El ADN móvil, descubierto por Barbara McClintock en la década de los cuarenta, puede inducir numerosos cambios fenotípicos (McClintock, 1950; Cohen *et al.*, 1989; Hartl, 1989). A pesar de la visión negativa mayoritaria, que considera al ADN móvil como parásito (Doolittle y Sapienza, 1980; Orgel y Crick, 1980), numerosos investigadores lo citan como un importante mecanismo evolutivo (ver Flavell, Pearce y Kumar, 1994; McDonald, 1995; Lönnig y Saedler, 1997; Kidwell y Lisch, 1997, 2000; Wendel y Wessler, 2000). La terminología ADN móvil o elementos genéticos móviles o transposones se utiliza frecuentemente para describir buen número de elementos de ADN que tienen cierta capacidad de replicarse y moverse por el genoma de modo independientemente de la replicación o recombinación normal del ADN. En un sentido amplio, el ADN móvil se puede clasificar en dos grupos: los elementos de Clase I[4] se transponen por medio de un ARN intermediario y parecen estar relacionados con los retrovirus. Los elementos de Clase II[5] se transponen mediante un ADN intermediario y usan la enzima transposasa. Se ha sugerido que otros elementos genéticos móviles cuyo mecanismo de transposición se descono-

ce forman una tercera clase. La mayoría de los investigadores clasificarían a los virus como ADN móvil.

El ADN móvil, o elementos genéticos transponibles (EGT), presenta varias características que podrían explicar la diversificación intrabaramínica. Por ejemplo, algunos EGT presentan una distribución específica de un gen (Bureau y Wessler, 1994; Mao *et al.*, 2000), lo que podría generar la especificidad necesaria para alterar los genes. Las mutaciones inducidas por EGT alteran el genoma de un modo más permanente, si bien ocasionalmente ocurren mutaciones en sentido inverso si el EGT desaparece. La mayoría de los EGT no están activos en la actualidad, pero se pueden movilizar bajo condiciones especiales, incluidas la hibridación (O'Neill, O'Neill y Graves, 1998; Zhao *et al.*, 1998) y el cambio climático (Kalendar *et al.*, 2000). La inactividad actual de la mayoría de los EGT sugiere que los cambios fenotípicos por ellos inducidos tampoco tienen lugar a gran escala. Todas estas características no contradicen la diversificación intrabaramínica. Sin embargo, persisten algunos problemas; en especial la falta de especificidad de la mayoría de EGT, lo que derivaría en una baja tasa de cambios benéficos. A causa de esta falta de especificidad, los evolucionistas tienden a ver los EGT como una fuente de mutación sobre la que puede actuar la selección natural. Al igual que en los mecanismos mutacionales mencionados más arriba, adolece de una baja tasa de cambios.

Aunque los creacionistas generalmente no han recurrido a los EGT para explicar la diversificación, Brand y Gibson (1993) los mencionaron en el contexto de una teoría de la especiación más amplia. En la discusión de los orígenes potenciales de nuevos alelos para un modelo de fraccionamiento heterocigótico más amplio, mencionan brevemente los EGT cuando escriben «los organismos fueron diseñados originalmente con un mecanismo que incrementaba la variabilidad genética para adaptarse a las condiciones cambiantes. Con el paso del tiempo,

esos mecanismos pueden haber sufrido un daño mutacional y ya no son tan efectivos o beneficiosos como lo fueron en un principio» (Brand y Gibson, 1993). Por esta razón, con el tiempo los EGT pueden haber perdido la capacidad de generar mutaciones benéficas debido a mutaciones aleatorias. El propósito del presente artículo es expandir este concepto aún sin formar y transformarlo en una teoría comprobable de la diversificación intrabaramínica. En primer lugar presentaremos las bases de esta nueva teoría y discutiremos en qué difiere de las teorías de especiación creacionistas y evolucionistas anteriores. Después seleccionaremos trece evidencias biológicas que pueden ser explicadas por la nueva teoría; siete de las cuales lo son mediante mecanismos evolutivos y solo una (la hibridación intrabaramínica) se explica por las actuales teorías creacionistas.

LOS ELEMENTOS GENÉTICOS TRANSPONIBLES Y LA DIVERSIFICACIÓN INTRABARAMÍNICA

A pesar de la capacidad excepcional de los EGT para modificar rápidamente el genoma, la baja tasa de mutaciones benéficas observada para la mayoría de ellos hace difícil poder considerarlos útiles a la hora de explicar la especiación en el ámbito de la diversificación. Sin embargo, algunas consideraciones teóricas que tengan en cuenta el hecho de que inicialmente fueron creados revela su valor para una teoría de la diversificación. Si los EGT originales hubieran tenido una mayor tasa de mutaciones, la velocidad a la que ocurriría la diversificación se vería muy incrementada. Del mismo modo, los genomas de los organismos debieron estar preparados de alguna manera para recibir las mutaciones. Si el genoma no puede cambiar apropiadamente, las mutaciones solo pueden ser perjudiciales. La cooperación entre EGT y el genoma para generar diversidad

de especies refleja una mayor complejidad de organización que es inexplicable sin un diseño divino. Dios debió diseñar todos los genomas de los organismos para que cambiaran en respuesta a las alteraciones genómicas inducidas por los EGT que, a su vez, fueron diseñados para producir mutaciones beneficiosas. Sin este diseño inicial, la diversificación mediante EGT no podría funcionar; por lo que para entender la verdadera naturaleza y propósito de los EGT deberemos observarlos en el contexto de un modelo biológico de la creación más amplio.

Aunque el término *elemento transponible* es descriptivo, su connotación dista mucho de ser neutra. Una abrumadora mayoría de biólogos moleculares cree que los EGT son parásitos genómicos que, en última instancia, son dañinos para sus hospedadores (Orgel y Crick, 1980; Doolittle y Sapienza, 1980). La teoría que aquí presentamos difiere sustancialmente en el aspecto de considerar que los efectos de los EGT originalmente fueron positivos y, con el transcurso del tiempo, acabaron por ser neutros cuando no destructivos. A causa de esa diferencia teórica sustancial, y a causa de la esencialidad del diseño en la teoría aquí expuesta, proponemos un nuevo nombre para los elementos genéticos transponibles inductores de diversificación como: *elementos genéticos altruistas* (EGA). Este nombre servirá para distinguir las implicaciones teóricas de nuestra visión de las del parásito genómico. Para referirnos a la diversificación en la que intervengan los EGA podremos hacerlo de forma abreviada como *proceso EGA*.

¿Cómo pudieron los EGA modificar el genoma para generar tanta diversidad de especies en tan corto espacio de tiempo? Según se desprende de los ejemplos modernos de cambios genómicos generados por EGA, podemos deducir cinco métodos de producción de cambios fenotípicos estables en los linajes de los organismos; uno indirecto y cuatro directos. El método indirecto involucra la generación de nuevos sitios de recombinación. Los EGA y otros tipos de ADN repetitivo a menudo sir-

ven como sitio de recombinación en el genoma (Himmelreich *et al.*, 1997; Lohe *et al.*, 2000; Cáceres, Puig y Ruiz, 2001). Puesto que la recombinación no altera directamente el contenido genético del genoma, promueve la diversidad alélica y genética de la población. De ahí que la recombinación inducida por EGA podría ser un modo de alteración fenotípica de un linaje. Los modos directos de alteración del genoma incluyen el entorpecimiento de los genes (Fig. 2B), promotores de EGA (Fig. 2C), potenciadores de EGA (Fig. 2D) y la transferencia genética real (Fig. 2E).

Los EGA pueden desactivar un gen si se transponen en la región codificante o de control del gen (Fig. 2B). De este modo, un gen puede ser inutilizado en un locus determinado. Y a la inversa, si un organismo fue creado con un EGA presente en un gen, dicho gen podría ser activado con la escisión del EGA. Un gran número de mutaciones se ha asociado a la inserción de EGA (Collins y Gutman, 1992; Arkhipova, Lyubomirskaja e Iljin, 1995; Chopra *et al.*, 1999). Tal como hemos propuesto más arriba, la especificidad de la transposición de EGA tendría que ser muy alta para producir una elevada tasa de mutaciones benéficas necesaria para la diversificación. En el caso de la inutilización de genes por EGA, si la transposición es específica para una cierta signatura de secuencia o cierto gen, todos y cada uno de los alelos de un individuo diploide o poliploide se podrían alterar simultáneamente con la activación del EGA apropiado. Los múltiples orígenes de la misma alteración genética favorecen que los nuevos alelos se expandan rápidamente entre la población soslayando, de ese modo, los problemas potenciales derivados del bajo índice de sustitución de alelos en los modelos de fraccionamiento heterocigótico.

Se sabe, o se sospecha, que algunos elementos modernos actúan como promotores de transcripción de los genes (Fig. 2C) (Kim *et al.*, 1989; White, Habera y Wessler, 1994). Dependiendo de que un EGA que contenga un promotor ge-

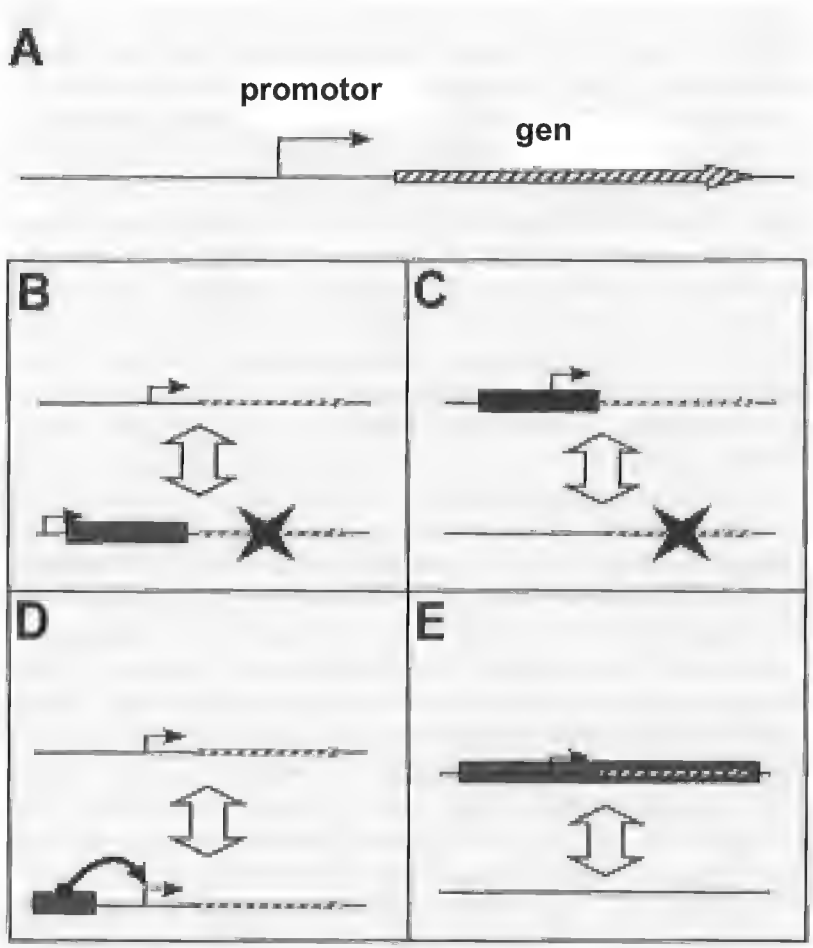


Figura 2. Ilustración de algunos cambios genéticos inducidos por EGA. A: Diagrama de un gen simple con promotor. B: Interrupción de un gen. Mediante la inserción de un EGA en la región de control o codificante de un gen se interrumpe su trascripción. C: EGA promotor. Un EGA que incluya un promotor puede alterar el patrón de expresión de los genes adyacentes. D: EGA potenciador. Un EGA que incluya un potenciador puede influir en la expresión de los genes, aun a distancia. E: Transposición verdadera. Aunque la mecánica resulte difícil de entender, algunos EGA pueden ser capaces de mover genes incluso entre distintos individuos. Nótese que dicho mecanismo puede ser reversible.

nético se introduzca dentro o fuera de la región 5' no traducida, la expresión del patrón de ese gen puede verse afectada espectacularmente. Como en el caso de la desactivación genética, el mecanismo es susceptible de funcionar en ambos sentidos. Así, Dios pudo haber creado un gen sin promotor y un EGA que fuera específico para ser insertado en dicho gen en una fecha posterior. De ese modo, el gen se activaría. O a la inversa, Dios podría haber creado un gen con un EGA promotor que más tarde podría escindirse del gen, con lo que el gen quedaría inactivo.

Aunque el autor de este trabajo solo conoce un ejemplo de elemento genético transponible que actúe como un potenciador de transcripción (McDonald, 1995), los EGA que contengan potenciadores podrían ser un mecanismo de alteración del fenotipo de un organismo (Fig. D). Si Dios creó EGA que contuvieran potenciadores transcripcionales, su movimiento podría alterar radicalmente el modelo de expresión de varios genes. Si tenemos en cuenta que los potenciadores, a diferencia de los promotores, actúan a menudo aun cuando estén separados físicamente de los genes, los EGA podrían ser en realidad un modo más potente de cambiar el fenotipo del linaje del organismo hospedador. Como hemos mencionado previamente, los efectos podrían ser de dos tipos: la mejora de los modelos de expresión mediante la inserción y la reducción de los mismos mediante la escisión.

Finalmente, los EGA pueden actuar transponiendo genes completos entre lugares en un único genoma o entre organismos (Fig. 2E). Una verdadera transposición debería originar una copia completa de un gen en un organismo. Otra alternativa es la posibilidad de que la transposición funcione de un modo indirecto moviendo un gen a una región en la que el índice de recombinación es distinto. Desde la perspectiva de los baraminés, cuestionarse si los EGA pueden cruzar los límites baramínicos es de suma importancia. ¿Es posible que un EGA

creado en un baramín se inserte y funcione en el genoma de otro? En teoría sería posible si el EGA hubiese sido diseñado para funcionar en un baramín distinto. Tenemos ejemplos de EGA transpuestos en los genomas de distintos baramines (Fischer, Wineholds y Plasterk, 2001), y la evidencia de las moscas *Drosophila* y los félidos sugiere que el ADN se puede transponer entre especies del mismo baramín (Clark y Kidwell, 1997; Jordan, Matyunina y McDonald, 1999). A pesar de la abrumadora evidencia de la transferencia horizontal, se desconoce el mecanismo por el cual el ADN se transfiere horizontalmente entre especies.

Estos cinco posibles mecanismos de cambio genómico inducido han sido dados únicamente a título de ejemplo. Podríamos dar una lista de otros mecanismos posibles, incluida la variación por ensamblaje inducido por EGA (Huges, 2001) o la competencia de promotores de genes (Kloeckener-Gruissem y Freeling, 1995). Cualquiera que sea el mecanismo, los EGA ofrecen varios mecanismos de desactivación potenciales. En primer lugar, en un mundo que no hubiese caído, los EGA habrían dejado de actuar cuando la tierra hubiese quedado llena y la reproducción se hubiese detenido. En segundo lugar, en un mundo caído, la acción de los EGA habría ido disminuyendo a medida que el índice de mutaciones beneficiosas inducidas por EGA se iba reduciendo a causa del incremento de las mutaciones en los propios EGA. Presumiblemente, las condiciones necesarias para que los EGA se transpusieran son más simples que aquellas que inducen mutaciones beneficiosas. Si las funciones de mutación beneficiosa y transposición estuvieran estrechamente relacionadas, las mutaciones destructivas en una tendrían que afectar, necesariamente, a la otra; con lo que se eliminarían tanto la actividad de transposición como la de diversificación. Sin un fuerte vínculo, las mutaciones reducirían o eliminarían rápidamente la actividad de mutación beneficiosa de los EGA sin alterar su capacidad de transposi-

ción. Y en tercer lugar, un mecanismo de control de nivel superior, como por ejemplo la metilación, podría haber desactivado directamente los EGA. En cualquier caso, la intervención de los EGA habría cesado al cabo de cierto tiempo.

Una importante implicación de esta teoría es que los EGA estuvieron activos durante la mayor parte del período anterior al Diluvio. En ese tiempo previo, la intervención de los EGA pudo haber sido lo suficientemente común como para generar morfologías verdaderamente nuevas en un espacio de tiempo tan corto como una generación. La estasis aparente de las especies con la que estamos tan familiarizados podría haber sido inusual en el mundo antediluviano. La variación mediada por EGA sugiere también que el aislamiento reproductivo puede ser una consecuencia secundaria de la diversificación. La diversidad de formas precede, y posiblemente contribuye, al aislamiento de las líneas reproductivas. Resultado de ello es que los otros mecanismos de especiación propuestos por investigadores modernos pueden tener una importancia escasa en la generación real de diversidad biológica por el hecho de que ponen excesivo énfasis en el aislamiento reproductivo como fase previa a la generación de nuevas formas biológicas. Para un evolucionista, el aislamiento reproductivo precede, necesariamente, a la diversidad de formas.

FENÓMENOS BIOLÓGICOS EXPLICADOS POR EL PROCESO EGA

Si bien el proceso EGA se concibió originalmente para proporcionar una explicación estrictamente genética a la diversificación, los EGA y el proceso con ellos relacionado tienen una gran fuerza a la hora de explicar muchos fenómenos en varias áreas de la biología. Las siguientes líneas son una breve discusión sobre trece fenómenos biológicos que podrían ser ex-

plicados por el proceso EGA. Aunque se precisaría progresar en la investigación para demostrar la existencia de un vínculo entre el proceso EGA y los fenómenos discutidos, el potencial de los EGA para explicar cada uno de ellos es muy alto. Doce de ellos jamás han sido explicados por otros modelos creacionistas. El evolucionismo solo reconoce once, mientras que los dos restantes –la diversificación y la alta frecuencia de hibridaciones intrabaramínicas– solo aparecen en los modelos creacionistas. De estos once, solo dos reciben una explicación neodarwiniana según un patrón mutación-selección, cinco recurren a la explicación de procesos aleatorios y contingencias históricas y cuatro están pendientes de explicar (Tabla 2). Con la sola base de esas evidencias, el proceso EGA es, sin lugar a dudas, el modelo que mejor explica la diversificación intrabaramínica; de hecho, podría ser el modelo que mejor explique la especiación en general.

1. Existencia de elementos genéticos móviles. Como hemos indicado más arriba, Doolittle y Sapienza (1980) y Orgel y Crick (1980) propusieron la teoría evolucionista más popular para explicar la persistencia del ADN móvil recurriendo al egoísmo del ADN replicativo. Sin embargo, no dan otra explicación del origen de dichas secuencias más que la contingencia histórica, es decir, que simplemente evolucionaron. Los creacionistas también han ido a vueltas con el origen de los elementos genéticos móviles conocidos como virus. Unos los atribuyen al efecto de la caída del hombre y otros proponen que tuvieron algunas funciones en el mundo edénico (Wise, 1995a) o postedénico (Bergman, 1999). La intervención de los EGA resuelve fácilmente el rompecabezas. No solo da un propósito original positivo para los elementos de ADN móviles (y, por ende, un propósito en la creación de Dios), sino que explica su fracaso final debido a los efectos de la caída del hombre. Los efectos dañinos de los virus actuales podrían ser atribuibles a otras

mutaciones que cambiaron los antaño benignos EGA en patógenos virulentos, según propuesta de Bergman (1999).

2. Rápida diversificación. Aunque algunos creacionistas se apresurarán, sin duda, a encontrar paralelismos entre la diversificación intrabaramínica y la teoría del equilibrio puntual de Eldredge y Gould (1972), la diversificación es un fenómeno realmente independiente. Ningún evolucionista podría creer jamás que la evolución de todos los félidos, los équidos o los camélidos ocurriera en menos de cinco siglos. Esta es la verdadera esencia de la diversificación. La diversificación es una especiación a gran escala, de la cual un evolucionista se mofa. Como ya hemos dicho más arriba, algunos creacionistas han intentado proponer mecanismos para tener en cuenta la especiación intrabaramínica, pero solo los EGA proporcionan un modelo que explica el origen y la interrupción de la diversificación.

3. Pseudogenes. Los pseudogenes aparecen en dos formas distintas: procesados y no procesados. En los organismos eucariotas, los pseudogenes carecen de intrones y es corriente encontrar en ellos evidencias de poliadenilación (adición de adeninas terminales), como si hubiesen sido transcritos, convertidos en ARNm, retrotranscritos en ADN y reinsertados en el cromosoma. Los genes no procesados son, sencillamente, genes normales que no han sido expresados. El fallo de los pseudogenes no procesados puede ser debido a mutaciones en su región codificada o la de control. Los evolucionistas explican los pseudogenes como retrotransposiciones anormales o genes que una vez estuvieron activos pero que perdieron la capacidad de expresarse. En cualquier caso, los evolucionistas suelen relegar los pseudogenes a la categoría de "ADN basura" y fuerzan la aleatoriedad de los procesos mutacionales que llevan a su aparición. Por lo general, los creacionistas han intentado explicar los pseudogenes proponiendo funciones pa-

Tabla 2. Fenómenos biológicos explicados por distintos modelos de especiación

Fenómeno biológico	Evolución	Creación	EGA
1. Existencia de elementos genéticos móviles	•		•
2. Rápida diversificación			•
3. Pseudogenes	•		•
4. Restos de secuencias virales	•		•
5. Retrovirus oncogénicos agudos y crónicos	•		•
6. Paralelismo y convergencia			•
7. Reversiones genéticas			•
8. Coevolución	•		•
9. Elevada frecuencia de hibridación intrabaramínica		•	•
10. Primera pareja de especies con reproducción sexuada			•
11. Inadaptaciones	•		•
12. Metilación del ADN de los mamíferos			•
13. El dilema de Haldane	•		•
Totales	7	1	13

ra ellos sin tener demasiado en cuenta la diversificación intrabaramínica (Gibson, 1994).

Para algunos pseudogenes, el proceso EGA da una de las siguientes explicaciones positivas: 1) Algunos pseudogenes pueden ser genes latentes que nunca han sido activados o genes previamente activos que los EGA desactivaron. 2) Los pseudogenes procesados pueden ser el resultado de la transferencia de un gen llevada a cabo por EGA retrotansposones des-

pués de que las mutaciones comenzaran a deteriorar su función diversificadora. A simple vista, ambas explicaciones podrían parecerse a las explicaciones evolucionistas, pero difieren de ellas por el hecho de que la función de los EGA no es fruto de la casualidad, sino de un diseño intencionado.

4. Restos de secuencias virales. Los proyectos de secuenciación del genoma humano han revelado varios ejemplos de secuencias genómicas cuyo origen es, en apariencia, viral. Entre ellas se incluyen las secuencias de bacteriófagos en el genoma de la bacteria infecciosa *Chlamydia trachomatis* (Stephens *et al.*, 1998) así como centenares de copias de secuencias retrovirales en los genomas de algunos mamíferos (Herniou *et al.*, 1998). Los evolucionistas se limitan a reconocer su existencia como el resultado de una antigua infección vírica; pero todavía no han propuesto una explicación positiva para su costoso mantenimiento en los genomas. Al igual que sucede con otros tipos de "ADN basura", los creacionistas solo han ofrecido la esperanza de que algún día se encuentre una función para dichas secuencias. En el modelo EGA los restos de secuencias virales pueden desempeñar un papel regulador desconocido. No obstante, los EGA también permiten que los creacionistas crean que tales secuencias pueden ser reliquias del proceso de diversificación carentes de función en la actualidad que, posiblemente, se originaron en el ocaso de la actividad de los EGA.

5. Retrovirus oncogénicos agudos y crónicos. Los investigadores que se ocupan del cáncer, saben bien que algunos virus se encuentran entre los más potentes agentes carcinógenos. Los virus oncogénicos agudos (inductores de tumores) pueden inducir un tumor en un período que va desde unos días hasta unas semanas; mientras que los virus oncogénicos crónicos precisan de períodos de latencia mayores

–meses o años– (Peters, 1989). Los retrovirus oncogénicos agudos, con mucho los más raros de ambos tipos, contienen versiones mutadas de genes celulares normales que reciben el nombre de protooncogenes. Los retrovirus oncogénicos crónicos alteran la expresión normal de los genes endógenos a través de los potenciadores y los promotores presentes en las largas repeticiones terminales (Peters, 1989).

Los evolucionistas apelan a los accidentes mutacionales para explicar el origen de los retrovirus oncogénicos. Creen que adquieren los protooncogenes por el proceso de infección por un virus normal, mutación de dicho protooncogén debida a la escasa fidelidad replicativa de los virus, la posterior reinfección de la especie hospedadora (o incluso otras especies) y la subsiguiente carcinogénesis (Alberts *et al.*, 1994, pág. 1.275). Los retrovirus oncogénicos crónicos se pueden explicar por la hipótesis del ADN egoísta. Los promotores celulares y los potenciadores presentes en los retrovirus oncogénicos crónicos aparecen como consecuencia de mutaciones favorecidas por la selección natural de los virus que utilizan la maquinaria celular de transcripción de un modo más efectivo para reproducirse.

Los creacionistas no han presentado ninguna explicación al respecto de los retrovirus oncogénicos. En el modelo EGA, los retrovirus oncogénicos agudos se pueden explicar como vestigios de EGA transcripcionales cuya función de transferencia de genes antes beneficiosa ha devenido en perjudicial a causa de una mutación del EGA. La mutagénesis de los retrovirus oncogénicos crónicos se puede explicar de uno de los dos modos siguientes: 1) mutaciones en los promotores o potenciadores que inhiben su función beneficiosa, o 2) el colapso de la especificidad viral tal como la inserción del virus en un lugar inadecuado o la infección de células o especies equivocadas. En ambos casos, los EGA ofrecen explicaciones potenciales a esos virus poco frecuentes.

6. Paralelismo y convergencia. A pesar de que es probable que muchos creacionistas no se percaten de ello, dentro de los baramines, y también entre ellos, se producen paralelismos y convergencias. El desarrollo de la característica del diente de sable que tras el Diluvio presentan cuatro grupos parecidos a los gatos –los félidos, los nimrávidos, los creodontes y los tilacosmílidos marsupiales– es un ejemplo de convergencia (Simpson, 1941; Radinsky y Emerson, 1982). En el modelo evolucionista, el interés reciente por la cuestión ha ayudado a esclarecer los problemas que rodean al paralelismo y la convergencia (Sanderson y Hufford, 1996). Sin embargo, ambos fenómenos siguen sin tener una explicación convincente. Anderson (1970) propuso que los virus podrían ser responsables del fenómeno, pero su propuesta permaneció largamente inadvertida.

Por lo general, los creacionistas han recurrido a estos fenómenos para apuntar hacia la idea de un Diseñador común, con matices, para todos los seres vivos. Así pues, las similitudes entre los cetáceos y los mamíferos terrestres deben quedar subordinadas a la expresión de la voluntad del Creador. La dificultad surge cuando los ejemplos históricos de paralelismo o convergencia tienen lugar dentro de los baramines o entre ellos (como en el caso de los gatos de dientes de sable más arriba indicado). En tales casos, no está claro qué pudo causar un desarrollo de rasgos tan inusual.

El modelo EGA proporciona una explicación plausible, tanto por una transposición real como por la activación de información genética similar latente en el mismo baramín o en baramines distintos. Si el rasgo convergente estuviera codificado por un solo gen, un EGA transposicional podría insertar el gen, y por ende el rasgo asociado, simultáneamente en varios linajes de organismos. Otra posibilidad: Si aceptamos que la información requerida por los rasgos convergentes fue creada en los genomas de distintos baramines de un modo latente, po-

demos subordinar la convergencia histórica a la voluntad divina. De ese modo, los EGA comunes podrían activar más tarde la información y producir una convergencia hacia los mismos rasgos. Incluso algunos de los ejemplos más difíciles de explicar de paralelismo (p. ej., adaptaciones de todo un ecosistema) y convergencia (p. ej., la imitación) podrían ser explicados fácilmente por la acción de un EGA común o un grupo de EGA similares.

7. Reversiones genéticas. Las reversiones genéticas se refieren a organismos que expresan características presentes únicamente en especies ancestrales. Un ejemplo de ello es el caballo con dos dedos en la pata documentado por Othniel Marsh en el s. XIX (Marsh, 1879). Ni los creacionistas, ni tampoco los evolucionistas, han dado una explicación adecuada a las reversiones genéticas. Las explicaciones evolucionistas fracasan a causa de los largos períodos de tiempo requeridos. Es razonable aceptar que tras millones de años la información genética necesaria para expresar rasgos ancestrales se haya degradado puesto que permanece sin expresión y, por lo tanto, ya no está sujeta a la selección natural.

Los creacionistas tienen dificultades con las reversiones por dos motivos: o bien creen en un baramín definido de modo muy restrictivo (del estilo de los caballos monodáctilos y polidáctilos clasificados en holobaramines separados, descendientes de especies creadas separadamente), o bien no tienen un modelo coherente de cómo dichos rasgos aparecen en primer término. En el primer caso, las reversiones genéticas devienen en expresiones de rasgos de distintos baramines; en el segundo, tanto el origen como la reintroducción del mismo rasgo no tienen explicación. En el modelo EGA, las reversiones genéticas se explican fácilmente como la reactivación aleatoria de información genética latente, ya sea por medio de un EGA que todavía no ha perdido la totalidad de la función diversificadora

u otra causa mutacional. Puesto que los períodos de tiempo requeridos son mucho más cortos que en el modelo evolucionista, la degradación mutacional no tiene tanta importancia a la hora de explicar las reversiones.

8. Coevolución. Se suele definir la coevolución como la evolución de una especie ligada a la de otra. Los procesos coevolutivos incluyen las relaciones predador-presa, simbiosis mutuas y las interacciones parásito-hospedador. Un ejemplo excelente de coevolución son las adaptaciones específicas que presentan muchas flores con sus polinizadores. Para explicar la coevolución, los evolucionistas proponen soluciones neodarwinistas que, a menudo, son muy complejas. Los creacionistas nunca se han enfrentado a la cuestión; solo se han mostrado maravillados ante el diseño de tales adaptaciones, incluso cuando dichas adaptaciones específicas para una especie se encuentran en lo que es, sin duda, el mismo holobaramín (Clark, 1965; Brauer, 1972; Cornell, 1975).

El proceso EGA ofrece una explicación potencial: Los EGA transferidos entre especies que coevolucionan podrían activar distintos genes en cada especie. Tal sería la razón por la que la adaptación entre polinizador y flor fuese la manifestación de distintas respuestas de los programas genéticos prediseñados en ambas especies ante el mismo EGA. La adaptación estaría diseñada en el sentido de que habría sido planeada por Dios, pero también sería el resultado de la coevolución por el hecho de que se habría desarrollado a partir de poblaciones ya creadas.

9. Elevada frecuencia de hibridación intrabaramínica. Aunque el criterio de inclusión en un baramín basado en la hibridación entre especies ha tenido un gran peso en la biología creacionista (Marsh, 1947, 1976; Scherer, 1993), un trabajo lingüístico reciente de Williams ha presentado algunas dudas

sobre su base bíblica (Williams, 1997). Sin embargo, el criterio de hibridación, basado en métodos alternativos para identificar monobaramines (Robinson, 1997; Robinson y Cavanaugh, 1998a,b), proporciona una información útil desde el punto de vista de los baramines. Los EGA ofrecen una explicación potencial de por qué la hibridación podría ser útil en el estudio de los baramines. Puesto que los cambios inducidos por los EGA preceden al aislamiento reproductivo estricto, la hibridación entre miembros del mismo baramín podría ser aún posible. De ahí que especies que en apariencia son muy diferentes, como la llama y el camello, con ayuda de técnicas reproductivas, puedan llegar a ser susceptibles de hibridación (Skidmore *et al.*, 1999).

10. Primera pareja de especies con reproducción sexuada. Esta crítica suele ir asociada a la teoría de la macromutación de Goldschmidt (Sunderland, 1988, pág. 115; Taylor, 1991, págs. 164-165): Si una mutación aleatoria que genera el aislamiento reproductivo necesario para la especiación tiene lugar en un único individuo, teniendo en cuenta que ese individuo está aislado desde el punto de vista reproductivo, ¿cómo se pueden formar las nuevas especies? Los evolucionistas se ven forzados a recurrir a otros tipos de aislamiento reproductivo, como las barreras geográficas seguidas de una mutación gradual, para vencer esta dificultad.

Por desgracia, esta crítica también es un problema para los creacionistas que aceptan que la especiación de la diversificación fue muy rápida. Si la variación es suficiente para producir un amplio abanico de variación morfológica en un espacio de tiempo muy corto, ¿cómo pueden aparecer nuevas especies aisladas reproductivamente? El proceso EGA proporciona una explicación potencial ya que la diversidad precede al aislamiento reproductivo. Algunas actividades relacionadas con los EGA, como la transposición y la elevada frecuencia de la hibridación

intrabaramínica, también pueden contribuir al origen de más de un miembro de la misma especie. Los EGA que producen nuevas morfologías pueden alterar muy rápidamente toda una población si pueden ser transferidos horizontalmente entre los organismos individuales. Como hemos dicho más arriba, se desconoce el mecanismo que gobierna un cambio de ese tipo. Sin embargo, es teóricamente posible. Otra alternativa es que las nuevas morfologías pueden ser transmitidas por el grupo de genes del baramín mediante la hibridación de dos progenitores morfológicamente distintos. La hibridación podría favorecer la uniformidad morfológica general de una población, a menos que esa población quede aislada geográficamente durante «la ocupación de la Tierra», lo que llevaría a otros cambios que inducirían un aislamiento reproductivo.

11. Inadaptaciones. Las inadaptaciones son características de los organismos que aparecen como no beneficiosas. Un ejemplo común lo encontramos en la enorme cornamenta del extinto alce irlandés *Megaloceros giganteus* (Gould, 1974). Si bien estaban proporcionadas al tamaño del cuerpo del *Megaloceros*, una cornamenta de casi 4 metros debía ser molesta mientras el animal se alimentaba y corría por el bosque. A diferencia de lo que sucede con los requerimientos generales, para la alometría (cambios en la proporción durante el crecimiento) o la selección sexual (como en el caso del *Megaloceros*), los evolucionistas dan pocas explicaciones a la persistencia de las inadaptaciones. Los creacionistas resuelven la existencia de las inadaptaciones recurriendo a una creación diseñada con benevolencia. El modelo EGA puede explicar la inadaptación como una actividad errónea de los EGA debida a la mutación de su función diversificadora.

12. Metilación del ADN de los mamíferos. En el genoma de los mamíferos y las plantas, la secuencia 5'-CG-3' (CpG) está

metilada en la base citosina. La metilación, o adición de un radical metilo, está implicada en la desactivación del cromosoma X extra en las hembras de los mamíferos (Heard, Clerck y Avner, 1997), en el marcado genómico (Bartolomei y Tilghman, 1997) y en la supresión transcripcional del ADN móvil (Yoder, Walsh y Bestor, 1997). Puesto que muchos evolucionistas consideran que el ADN móvil es un parásito genético dañino, algunos investigadores proponen que la metilación evolucionó como una defensa contra los efectos dañinos del ADN móvil (Yoder, Walsh y Bestor, 1997; Martienssen, 1998). A esta hipótesis se opone la objeción de que la metilación del ADN es un mecanismo general de desactivación transcripcional usada por otros genes distintos de los EGT. Otra objeción es que el cigoto de los mamíferos, significativamente, no está metilado. Tanto los retrotransposones Alu heredados del padre como los retrotransposones L1 heredados de la madre están desmetilados en el cigoto, lo que, presumiblemente, permite su transposición (Yoder, Walsh y Bestor, 1997). La metilación alcanza sus niveles normales de adulto coincidiendo, aproximadamente, con el inicio de la diferenciación celular (Signal y Ginder, 1999). Por ese motivo, en el estadio de ontogenia, cuando es más sensible a los daños mutacionales debidos al ADN móvil egoísta, el organismo reduce la mayoría de sus defensas. La solución más adecuada para este problema es el proceso EGA. En el modelo EGA, la metilación podría tener una doble función: asegurar que los cambios inducidos por EGA no tuvieran lugar durante la diferenciación, lo que conduciría a mosaicos genéticos (por ejemplo, una única cornamenta o un único diente de sable), y en el cigoto aseguraría que los cambios que tienen lugar en esa etapa del desarrollo se transmitieran a todas las células del adulto, incluidas las reproductoras.

13. El dilema de Haldane. Walter ReMine (1993, cap. 8) reintrodujo en el debate creación-evolución el problema del coste

de sustitución que J.B.S. Haldane sacó a la luz por primera vez en 1957. En pocas palabras, el dilema de Haldane afirma que el tiempo requerido para sustituir un alelo antiguo por otro nuevo (el coste de sustitución), es demasiado largo para permitir que la especiación tenga lugar en el tiempo requerido. ReMine emplea el ejemplo de la evolución humana y demuestra que 7 millones de años no son suficientes para que los humanos evolucionen a partir de su ancestro común con los simios. Los evolucionistas nunca han dado una respuesta convincente al dilema de Haldane. En su lugar, se han centrado en situaciones tipo, tales como la evolución de la resistencia a un antibiótico, en las que la selección (artificial) es irrealmente fuerte.

Puesto que la diversificación también requiere la sustitución de alelos, pero en un intervalo de tiempo mucho más corto, el dilema de Haldane es aplicable aún más estrictamente a los modelos creacionistas de especiación; en particular al fraccionamiento heterocigoto. Además de la fuerte selección natural propuesta por los evolucionistas, otra solución al dilema de Haldane es la introducción múltiple del mismo alelo. En un proceso aleatorio de selección neodarwinista, la evolución múltiple del nuevo alelo es altamente improbable; sin embargo, el proceso EGA la predice. De modo alternativo, en el caso de los EGA tansposicionales, los nuevos alelos se pueden extender a toda una población de manera parecida a una infección. En ambos casos, el dilema de Haldane es superado por la acción de los EGA.

PREDICCIONES

Los buenos modelos científicos tienen su marca de identidad en las predicciones susceptibles de comprobación. Los argumentos que la biología creacionista barajó en el pasado se centraban principalmente en las cuestiones propuestas por un di-

seño divino, sin incluir ninguna predicción que pudiera ser comprobable. El proceso EGA se distingue claramente de la mayor parte de la biología creacionista porque adelanta numerosas predicciones que pueden ser comprobadas. Aquí discutiremos tres predicciones generales con sus respectivas confirmaciones preliminares. Será preciso llevar a cabo más investigaciones para demostrar con éxito y de modo convincente las predicciones del modelo EGA.

Predicción nº 1: Los EGA marcan la diferencia entre dos especies cobaramínicas. Si los EGA son los agentes causales de la especiación, es lógico pensar que las diferencias genómicas entre las especies de un mismo baramín estén restringidas a los EGA y a las alteraciones genéticas por ellos inducidas. En varios proyectos de genoma modernos se ha observado una evidencia positiva al respecto. La comparación de los resultados preliminares de la secuencia del nematodo *Caenorhabditis briggsae* con el genoma completo de *Caenorhabditis elegans* reveló que el contenido genético y su orden están bien conservados pero que las secuencias intergénicas y las de los intrones son más cortas en *C. briggsae*. La diferente longitud de esas regiones es debida a la ausencia en *C. briggsae* de ciertos elementos genéticos transponibles que están presentes en *C. elegans* (Blaxter, 1998).

Una confirmación posterior de esta predicción vino de la secuencia del patógeno micoplasmático del tracto urinario *Ureaplasma urealyticum* (Glass *et al.*, 2000). Para el origen de la patogénesis, propusimos un modelo basado en la buena conservación del orden en *Micoplasma genitalium* y *Micoplasma pneumoniae* que recurría a la reducción genómica debida, en primera instancia, a una recombinación errónea (Wood, 2001). La secuencia genómica de *U. urealyticum* reveló una reordenación mucho mayor de lo que esperábamos encontrar según lo observado en las secuencias de los genomas de

Micoplasma. A pesar de que *U. urealyticum* es la especie más relacionada con *M. genitalium* y *M. pneumoniae*, en *U. urealyticum* se conserva muy poco el orden de los genes de las dos especies de Micoplasma. La recombinación genómica de los micoplasmas es más complicada de lo que puede explicar una simple recombinación errónea. No obstante, la presencia de seis transposones en el genoma de *U. urealyticum* ausentes en ambos genomas de Micoplasma podría explicar la reordenación genómica en estas especies de bacterias muy relacionadas (Glass *et al.*, 2000). Puesto que los transposones son EGA, el orden de los genes en los genomas de *Ureaplasma* y *Micoplasma* puede confirmar la primera predicción del proceso EGA.

Finalmente, a partir del estudio de los genes del arroz (*Oryza sativa*) conocemos varios *elementos genéticos transponibles de repetición invertida en miniatura* (EGTRIM). Un control reciente de EGTRIM en 73.362 secuencias de control de genoma de *O. sativa* ha revelado que los EGTRIM muestran una frecuencia específica de la especie (Mao *et al.*, 2000). Los EGTRIM identificados en las especies africanas de arroz (*O. longistaminata* y *O. glaberrima*) aparecen con mucha menor frecuencia en las secuencias de control que los EGTRIM identificados originalmente en el genoma de *O. sativa*.

Predicción nº 2: En la secuencia actual de los cromosomas, algunos EGA deberían estar asociados físicamente a los genes responsables de los rasgos específicos. Aunque los EGA pueden actuar a distancia en el gen sobre el que influyen, por lo general, es razonable esperar que los EGA estén estrechamente asociados a los genes que afectan. Esto quiere decir que, en una secuencia cromosómica, deberíamos encontrar ADN repetitivo, pseudogenes y elementos genéticos móviles situados en las proximidades de los genes que expresan rasgos específicos. Lo opuesto a esta predicción es que

los EGA no estarán fuertemente asociados a los genes requeridos para la supervivencia celular, tales como los que intervienen en el metabolismo, la síntesis de proteínas, la replicación de ADN o la transcripción del ARN.

Esta predicción encuentra una confirmación preliminar en el genoma recientemente completado de *C. elegans*. Uno de los primeros estudios llevados a cabo sobre ese genoma fue la comparación de los genes de *C. elegans* con los genes de la levadura *Saccharomyces cerevisiae*. Los genes que comparten ambos organismos son, con toda probabilidad, aquellos que intervienen en los procesos celulares; los genes que son característicos de cada organismo son aquellos que les dan sus características orgánicas específicas. Pronto se descubrió que los genes comunes a *C. elegans* y *S. cerevisiae* tendían a agruparse hacia el centro de los cromosomas, mientras que el ADN repetitivo encontrado en los autosomas de *C. elegans* se encontraba en los brazos de los cromosomas, lejos del centro (*C. elegans* Sequencing Consortium, 1998). Así pues, los genes involucrados en los procesos celulares no están asociados en posición con los EGA, tal y como predice el modelo EGA. Es evidente que será preciso seguir más estudios para sistematizar la asociación EGA/gen y categorizar los genes que pueden verse afectados por EGA adyacentes.

Predicción nº 3: Las poblaciones que vivieron inmediatamente después del Diluvio eran mucho más adaptables que las poblaciones actuales. Puesto que los EGA, a causa de las mutaciones, han perdido actividad con el paso del tiempo, la consecuencia biológica es que los baramines son menos adaptables a los cambios medioambientales adversos. Con los EGA activos, era muy habitual que se introdujeran nuevos rasgos en las poblaciones de organismos que vivieron inmediatamente después del Diluvio, lo que representaba una fuerte influencia sobre su capacidad de desplazarse de un entorno a

otro. Esa adaptabilidad, sin duda, fue una ayuda para su supervivencia en el tumultuoso catastrofismo residual del mundo posdiluviano. Además, esa pérdida de adaptabilidad puede explicar bien los índices de extinción tan misteriosamente elevados de las especies modernas.

Puesto que en el registro fósil posterior al Diluvio han quedado registrados varios cambios medioambientales drásticos (incluido el fin de la Era Glacial), la adaptabilidad de los baramines podría ser medida por medio del número de especies por baramín antes y después del cambio medioambiental. El modelo EGA predice que, a medida que avance el tiempo tras el Diluvio, cada vez sobrevivirán menos especies por baramín.

RESUMEN

Hemos presentado un modelo de diversificación intrabaramínica que es conceptualmente simple y cumple todos los requisitos que debe tener una teoría de la diversificación. La rápida diversificación intrabaramínica es atribuida a los *elementos genéticos altruistas* (EGA, que fueron diseñados por Dios para que causaran cambios genómicos permanentes y beneficiosos. Hemos presentado trece evidencias biológicas generales que se pueden explicar con el proceso EGA, así como tres predicciones específicas del proceso EGA que pueden ser comprobadas. El proceso EGA también puede ser aplicado a varios problemas de la biología creacionista. La falta de espacio limita la discusión detallada de la aplicación de esta teoría; pero los problemas que se podrían entender gracias a los EGA incluyen la biogeografía marsupial, la extinción de los dinosaurios, la longevidad humana extrema o la supervivencia de los peces de agua dulce durante el Diluvio.

Con un marco teórico como el modelo EGA de diversificación, la biología creacionista puede aparecer, al fin, como una dis-

ciplina completamente desarrollada dentro del modelo creacionista. Los biólogos creacionistas ya no tienen que restringir su trabajo a teorizar sobre rompecabezas individuales o a maravillarse ante un diseño cuya naturaleza es desconocida. Con un modelo propuesto, la biología creacionista puede dedicarse a la tarea de probarlo y refinarlo. Aunque es probable que el proceso EGA acabe por ser rechazado, no es menos cierto que proporciona un plan de trabajo indispensable para el crecimiento de la biología creacionista como una ciencia rigurosa.

NOTAS

[1] El original inglés hace un juego de palabras: «*The AGEing process*» [AGE: *Altruistic Genetic Elements*]. [*N. del T.*]

[2] Assistant Professor, Center for Origins Research and Education, Bryan College, P.O. Box 7604, Dayton (Tennessee) 37321, wood@bryancore.org

[3] Los llamados *elementos genéticos móviles* en la bibliografía española también se denominan como: *transposones*, *secuencias móviles de ADN* o *elementos genéticos transponibles*.

[4] También denominados retrotransposones o transposones eucarióticos de clase I.

[5] También denominados transposones eucarióticos de clase II.

AGRADECIMIENTOS

En Baraminology 99, que tuvo lugar en la Universidad Liberty, del 5 al 7 de agosto de 1999, se presentó una versión preliminar de este documento. Desearíamos expresar nuestro agra-

decimiento a Kurt Wise por la lectura minuciosa y la crítica del borrador de este documento, y a John Mark Reynolds, Neal Doran y Stephanie Hartz por sus útiles comentarios y sugerencias.

BIBLIOGRAFÍA CITADA

Alberts B, Bray D, Lewis J, Raff M, Roberts K, Watson JD (1994). Molecular biology of the cell. 3ª ed. Nueva York: Garland Publishing.

Anderson NG (1970). Evolutionary significance of virus infection. Nature, 227: 1.346-1.347.

Arkhipova IR, Lyubomirskaya NV, Ilyin YV (1995). Drosophila retrotransposons. Austin (Texas): R.G. Landes Co.

Bartolomei MS, Tilghman SM (1997). Genomic imprinting in mammals. Annual Review of Genetics, 31: 493-525.

Batten D (1996). Dogs breeding dogs? That's not evolution! Creation Ex Nihilo, 18 (2): 21-23.

Bergman J (1999). Did God make pathogenic viruses? Creation Ex Nihilo Technical Journal, 13: 115-125.

Blaxter M (1998). Caenorhabditis elegans is a nematode. Science, 282: 2.041-2.046.

Brand LR, Gibson LJ (1993). An interventionist theory of natural selection and biological change within limits. Origins, 20: 60-82.

Brauer OL (1972). The Smyrna fig requires God for its production. Creation Research Society Quarterly, 9: 129-131.

Bureau TE, Wessler SR (1994). Mobile inverted-repeat elements of the Tourist family are associated with the genes of many cereal grasses. Proceedings of the National Academy of Sciences (USA), 91: 1.411-1.415.

Cáceres M, Puig M, Ruiz A (2001). Molecular characterization of two natural hotspots in the Drosophila buzzatii genome in-

duced by transposon insertions. Genome Research, 11: 1.353-1.364.

The C. elegans Sequencing Consortium (1998). Genome sequence of the nematode C. elegans: a platform for investigating biology. Science, 282: 2.012-2.018.

Chopra S, Brendel V, Zhang J, Axtell JD, Peterson T (1999). Molecular characterization of a mutable pigmentation phenotype and isolation of the first active transposable element from Sorghum bicolor. Proceedings of the National Academy of Sciences (USA), 96: 15.330-15.335.

Clark HW (1965). The plants will teach you. Creation Research Society Quarterly, 2: 3-5.

Clark JB, Kidwell MG (1997). A phylogenetic perspective on P transposable element evolution in Drosophila. Proceedings of the National Academy of Sciences (USA), 94: 11.428-11.433.

Coen ES, Robbins TP, Almeida J, Hudson A, Carpenter R (1989). Consequences and mechanisms of transposition in Antirrhinum majus. In Berg DE, Howe MM, editors. Mobile DNA. Washington DC: American Society for Microbiology, 413-436.

Collins CM, Gutman DM (1992). Insertional inactivation of an Escherichia coli urease gene by IS3411. Journal of Bacteriology, 174: 883-888.

Cornell AB (1975). The moccasin flower was designed. Creation Research Society Quarterly, 12: 139-140.

Crompton NEA (1993). A review of selected features of the family Canidae with reference to its fundamental taxonomic status. En: Scherer S, ed. Typen des Lebens. Berlín: Pascal-Verlag, 217-224.

Doolittle WF, Sapienza C (1980). Selfish genes, the phenotype paradigm, and genome evolution. Nature, 284: 601-603.

Eldredge N, Gould SJ (1972). Punctuated equilibria: an alternative to phyletic gradualism. En: Schopf TJM, ed. Models in

Paleobiology. San Francisco: Freeman, Cooper and Co., 82-115.

Fischer SEJ, Wineholds E, Plasterk RHA (2001). Regulated transposition of a fish transposon in the mouse germ line. Proceedings of the National Academy of Sciences (USA), 98: 6.759-6.764.

Flavell AJ, Pearce SR, Kumar A (1994). Plant transposable elements and the genome. Current Opinion in Genetics and Development, 4: 838-844.

Gibson LJ (1994). Pseudogenes and origins. Origins, 21: 91-108.

Glass JI, Lefkowitz EJ, Glass JS, Heiner CR, Chen EY, Cassell GH (2000). The complete sequence of the mucosal pathogen Ureaplasma urealyticum. Nature, 407: 757-762.

Gould SJ (1974). The origin and function of "bizarre" structures: antler size and skull size in the "Irish elk," Megaloceros giganteus. Evolution, 28: 191-220.

Haldane JBS (1957). The cost of natural selection. Journal of Genetics, 55: 511-524.

Hartl DL (1989). Transposable element mariner in Drosophila species. En: Berg DE,

Howe MM, eds. Mobile DNA. Washington DC: American Society for Microbiology, 531-536.

Heard E, Clerc P, Avner P (1997). X-chromosome inactivation in mammals. Annual Review of Genetics, 31: 571-610.

Herniou E, Martin J, Miller K, Cook J, Wilkinson M, Tristem M (1998). Retroviral diversity and distribution in vertebrates. Journal of Virology, 72: 5.955-5.966.

Himmelreich R, Plagens H, Hilbert H, Reiner B, Herrmann R (1997). Comparative analysis of the genomes of the bacteria Mycoplasma pneumoniae and Mycoplasma genitalium. Nucleic Acids Research, 25: 701-712.

Hughes DC (2001). Alternative splicing of the human VEGFGR-3/FLT4 gene as a consequence of an integrated human en-

dogenous retrovirus. Journal of Molecular Evolution, 53: 77-79.

Jones AJ (1973). How many animals in the Ark? Creation Research Society Quarterly, 10: 102-108.

Jones AJ (1982). The genetic integrity of the "kinds" (baramins): a working hypothesis. Creation Research Society Quarterly, 19: 13-18.

Jordan IK, Matyunina LV, McDonald JF (1999). Evidence for the recent horizontal transfer of long terminal repeat retrotransposon. Proceedings of the National Academy of Sciences (USA), 96: 12.621-12.625.

Kalendar R, Transkanen J, Immonen S, Nevo E, Schulman AH (2000). Genome evolution of wild barley (Hordeum spontaneum) by BARE-1 retrotransposon dynamics in response to sharp microclimatic divergence. Proceedings of the National Academy of Sciences (USA), 97: 6.603-6.607.

Kidwell MG, Lisch D (1997). Transposable elements as sources of variation in animals and plants. Proceedings of the National Academy of Sciences (USA), 94: 7.704-7.711.

Kidwell MG, Lisch D (2000). Transposable elements and host genome evolution. Trends in Ecology and Evolution, 15: 95-99.

Kim JH, Yu CY, Bailey A, Hardison R, Shen CK (1989). Unique sequence organization and erythroid cell-specific nuclear factor-binding of mammalian theta 1 globin promoters. Nucleic Acids Research, 17: 5.687-5.700.

Kloeckener-Gruissem, B, Freeling M (1995). Transposon-induced promoter scrambling: a mechanism for the evolution of new alleles. Proceedings of the National Academy of Sciences (USA), 92: 1.836-1.840.

Lammerts WE (1988). Concerning disjunct populations of mammals and plants. Creation Research Society Quarterly, 25: 126-128.

Lammerts WE, Howe GF (1974). Plant succession studies in

relation to micro-evolution. Creation Research Society Quarterly, 10: 208-228.

Lohe AR, Timmons C, Beerman I, Lozovskaya ER, Hartl DL (2000). Self-inflicted wounds, template-directed gap repair, and a recombination hotspot: effects of the mariner transposase. Genetics, 154: 647-656.

Lönnig W-E, Saedler H (1997). Plant transposons: contributors to evolution? Gene, 205: 245-253.

Mao L, Wood TC, Yu Y, Budiman MA, Tomkins J, Woo S-S, Sasinowski M, Presting G, Frisch D, Goff S, Dean RA, Wing RA (2000). Rice transposable elements: a survey of 73,000 sequence-tagged connectors. Genome Research, 10: 982-990.

Marsh FL (1941). Fundamental biology. Lincoln (Nebraska): Publicado por el autor.

Marsh FL (1947). Evolution, creation, and science. 2ª ed. Washington DC: Review and Herald Publishing Association.

Marsh FL (1976). Variation and fixity in nature. Mountain View (California): Pacific Press Publishing Association.

Marsh FL (1983). Genetic variation, limitless or limited? Creation Research Society Quarterly, 19: 204-206.

Marsh OC (1879). Polydactyle horses, recent and extinct. American Journal of Science, 17: 499-505.

Martienssen R (1998). Transposons, DNA methylation and gene control. Trends in Genetics, 14: 263-264.

Mattern MY, McLennan DA (2000). Phylogeny and speciation of felids. Cladistics, 16: 232-253.

McClintock B (1950). The origin and behavior of mutable loci in maize. Proceedings of the National Academy of Sciences (USA), 36: 344-355.

McDonald JF (1995). Transposable elements: possible catalysts of organismic evolution. Trends in Ecology and Evolution, 10: 123-126.

Mehlert AW (1995). On the origin of cats and carnivory. Creation Ex Nihilo Technical Journal, 9: 106-120.

Morris HM (1974). Diversity of opinions found in creationism. Creation Research Society Quarterly, 11: 173-174.

Morris JD (1999). Dinosaurs, the lost world, & you. Green Forest (Arizona): Master Books.

O'Neill RJW, O'Neill MJ, Graves JAM (1998). Undermethylation associated with retroelement activation and chromosome remodeling in an interspecific mammalian hybrid. Nature, 393: 68-72.

Orgel LE, Crick FHC (1980). Selfish DNA: the ultimate parasite. Nature, 284: 604-607.

Parker GE (1980). Creation, mutation, and variation. ICR Impact, 89.

Peters G (1989). Oncogenes at viral integration sites. En: Glover DM, Hames BD. Oncogenes. Oxford: Oxford Unversity Press, 23-66.

Radinsky L, Emerson S (1982). The late, great sabertooths. Natural History, 91 (4): 50-57.

ReMine WJ (1993). The biotic message: evolution vs. message theory. St. Paul (Minnesota): St. Paul Science.

Robins DM, Samuelson LC (1992). Retrotransposons and the evolution of mammalian gene expression. Genetica, 86: 191-201.

Robinson DA (1997). A mitochondrial DNA analysis of the testudine apobaramin. Creation Research Society Quarterly, 33: 262-272.

Robinson DA, Cavanaugh DP (1998a). A quantitative approach to baraminology with examples from the Catarrhine primates. Creation Research Society Quarterly, 34: 196-208.

Robinson DA, Cavanaugh DP (1998b) Evidence for a holobaraminic origin of the cats. Creation Research Society Quarterly, 35: 2-14.

Sanderson MJ, Hufford L, eds. (1996). Homoplasy: the recurrence of similarity in evolution. Nueva York: Academic Press.

Scherer S (1993). Basic types of life. In Scherer S, editor. Typen des Lebens. Berlin: Pascal Verlag, 11-30.

Siegler HR (1974). The magnificence of kinds as demonstrated by Canids. Creation Research Society Quarterly, 11: 94-97.

Simpson GG (1941). The function of saber-like canines in carnivorous mammals. American Museum Novitates, 1.130.

Singal R, Ginder GD (1999). DNA methylation. Blood, 93: 4.059-4.070.

Skidmore JA, Billah M, Binns M, Short RV, Allen WR (1999). Hybridizing old and new world camelids: Camelus dromedaries x Lama guanicoe. Proceedings of the Royal Society of London B266: 649-656.

Stein-Cadenbach H (1993). Hybriden, chromosomen und artbildung bei pferden (Equidae). En: Scherer S, ed. Typen des Lebens. Berlin: Pascal-Verlag, 225-244.

Stephens RS, Kalman S, Lammel C, Fan J, Marathe R, Aravind L, Mitchel W, Olinger L, Tatusov RL, Zhao Q, Koonin EV, Davis RW (1998). Genome sequence of an obligate intracellular pathogen of humans: Chlamydia trachomatis. Science, 282: 754-759.

Sunderland LD (1988). Darwin's enigma. Freen Forest (Arkansas): Master Books.

Taylor IT (1991). In the minds of men. 3ª ed. Minneapolis (Minnesota): TFE Publishing.

Tilley SG, Mahoney MJ (1996). Patterns of genetic differentiation in salamanders of the Desmognathus ochrophaeus complex (Amphibia: Plethodontidae). Herpetological Monographs, 10: 1-42.

Wendel JF, Wessler SR (2000). Retrotransposon-mediated genome evolution on a local ecological scale. Proceedings of the National Academy of Sciences (USA), 97: 6.250-6.252.

Weston P, Wieland C (1998). Bears across the world…. Creation Ex Nihilo, 20 (4): 29-31.

Whitcomb JC, Morris HM (1961). The Genesis flood. Phillipsburg (New Jersey: Presbyterian and Reformed Publishing.

White SE, Habera LF, Wessler SR (1994). Retrotransposons in

the flanking regions of normal plant genes: a role for copia-like elements in the evolution of gene structure and expression. Proceedings of the National Academy of Sciences (USA), 91: 11.792-11.796.

Wieland C (1994). Speciation conference brings good news for creationists. Creation Ex Nihilo Technical Journal, 11: 135-136.

Williams PJ (1997). What does min mean? Creation Ex Nihilo Technical Journal, 11: 344-352.

Wise KP (1990). Baraminology: a young-earth creation biosystematic method. En: Walsh RE, Brooks CL, eds. Proceedings of the Second International Conference on Creationism, Vol. 2. Pittsburgh: Creation Science Fellowship, 345-360.

Wise KP (1994). Australopithecus ramidus and the fossil record. Creation Ex Nihilo Technical Journal, 8: 160-165.

Wise KP (1995a). It matters where you start. En: Land RD, Moore LA, eds. Life at Risk: The Crisis in Medical Ethics. Nashville (Tennessee): Broadman & Holman.

Wise KP (1995b). A note on new australopithecines. Creation Ex Nihilo Technical Journal, 9: 167.

Wood TC (2001). Genome decay in the mycoplasmas. ICR Impact, 340.

Wood TC, Williams PJ, Wise KP, Robinson DA (1999). Summaries on Camelid Baraminology. En: Baraminology 99. Baraminology Study Group, 9-18. Disponible en: http://www.bryancore.org/bsg/

Wood TC, Wise KP, Cavanaugh DP (2001). Pattern recognition analysis of fossil horses confirms the reality of the stratomorphic series. En: Helder M, ed. Discontinuity: Understanding Biology in the Light of Creation. Baraminology Study Group, 34. Disponible en: http://www.bryancore.org/bsg/

Woodmorappe J (1996). Noah's Ark: a feasibility study. Santee (California): Institute for Creation Research.

Yoder JA, Walsh CP, Bestor TH. Cytosine methylation and the ecology of intragenomic parasites. Trends in Genetics, 13: 335-340.

Zhao X, Si Y, Hanson RE, Crane CF, Price HJ, Stelly DM, Wendel JF, Paterson AH (1998). Dispersed repetitive DNA has spread to new genomes since polyploid formation in cotton. Genome Research, 8: 479-492

RESEÑAS BIBLIOGRÁFICAS

FILOGENIA DE LAS AVES: EL PROBLEMA DE LOS PASERIFORMES

Johnson KP.
Taxon sampling and the phylogenetic position of Passeriformes: evidence from 916 avian cytochrome b sequences. Systematic Biology 2001; 50: 128-136.

Resumen: La mayoría de las filogenias de las aves sitúan a los avestruces y otras ratites, juntamente con los ánades y los faisanes, en una posición básica. Interpretan que los paseriformes, las aves que cantan, han pasado por un proceso que les ha conducido a una gran derivación. Una filogenia basada en siete secuencias de ADN mitocondrial ha dado la vuelta a este resultado e intercambia las posiciones: los paseriformes estarían en la base mientras que gallináceas y corredoras se encontrarían en una posición de mayor derivación. Este documento comprueba ese resultado mediante secuencias de citocromo b e incrementa el número de especies comparadas hasta 916. Los resultados son que los paseriformes y las corredoras ocuparían una posición basal y los anátidos y los faisanes se unirían a otros grupos. En otro estudio las secuencias nucleares agruparon los paseriformes en una posición más tradicional.
Comentario: El descubrimiento de discontinuidades en la comparación de secuencias puede ayudar en la identificación de grupos con orígenes separados.

DISEÑO: EL PROBLEMA DE LA TEODICEA

Miles SJ.
Charles Darwin and Asa Gray discuss teleology and design.
Perspectives on Science and Christian Faith 2001;
53: 196-201.

Resumen: Asa Gray es conocido por ser el confidente de Charles Darwin y una de las pocas personas con quien este discutía abiertamente sus puntos de vista antes de la publicación de su famoso libro. Sin embargo, sus respectivas teologías naturales eran fuertemente diferentes. Para Darwin el mal carecía de sentido y llegó a la conclusión de que Dios no actuaba en la naturaleza. Darwin admitía que Dios hubiese diseñado el cosmos, pero había demasiado sufrimiento para que aceptara que la mano de Dios guía la naturaleza. La variación debía ser causada por una selección *natural* no guiada. Del otro lado, Gray insistía en que Dios actúa en la naturaleza y la variación está guiada por la Providencia. Miles atribuye la diferencia en las conclusiones de Darwin y Gray a sus distintas presuposiciones. Según Miles, Darwin intentó razonar sin éxito desde el diseño de la naturaleza hasta la creencia en Dios. Gray, en cambio, partía de la creencia en Dios y vio el diseño de la naturaleza como resultado de dicha creencia. La diferencia es significativa. En los debates actuales sobre el diseño en la naturaleza, sería bueno distinguir entre los argumentos *desde* el diseño *hacia* Dios y aquellos *desde* Dios *hacia* el diseño.

Comentario: La cuestión del mal parece que es la base de la mayoría de los desacuerdos a la hora de interpretar la relación de Dios con la naturaleza. Al igual que sucede con Darwin y Gray, el punto de partida filosófico tiene una enor-

me influencia sobre las deducciones relacionadas con Dios y la naturaleza. La distinción entre los argumentos que parten desde el diseño y aquellos que se dirigen hacia el diseño también ha sido comentada por Wells [Wells J. 1990-91. Darwinism and the argument to design. Dialogue and Alliance 4(4): 69-85].

GENÉTICA: UNA ELEVADA TASA DE MUTACIÓN

Denver DR, Morris K, Lynch M, Vassilieva LL, Thomas WK. High direct estimate of the mutation rate in the mitochondrial genome of Caenorhabditis elegans. Science 2000; 289: 2.342-2.344.

Resumen: Las estimaciones sobre la tasa de mutación tienen importantes implicaciones en el tratamiento de las enfermedades genéticas y la aplicación de la hipótesis del *reloj molecular.* Hasta hace poco, las estimaciones de las tasas de mutación directas no han sido posibles. En este estudio, se escogieron 74 linajes del nematodo *C. elegans* y, tras una media de 214 generaciones, se compararon las secuencias de ADN mitocondrial. La tasa de mutación calculada fue cien veces superior respecto a la que había sido predicha siguiendo la filogenia. A pesar de que el genoma de *C. elegans* tiene un elevada proporción de timina (T) con respecto a la citosina (C), no es debido a un sesgo mutacional, puesto que las mutaciones de T por C superan con creces a las mutaciones de C por T. Las mutaciones parecen estar alteradas. Por ejemplo, cinco de cada diez mutaciones tuvieron lugar en una serie sencilla de 11 bases de adenina y cinco de cada nueve

cambios de aminoácidos también se observaron en la especie *C. briggsae.*

Comentario: Si estos resultados también son aplicables a otras especies, las apreciaciones de los tiempos de divergencia filogenética basadas en la hipótesis del reloj molecular podrían verse reducidas en por lo menos cien veces menos. Si esto se acepta, podrían derivarse importantes implicaciones a la hora de entender la historia de la Tierra.

GENÉTICA: ¿PO QUÉ NO HAY MEZCLA MUTACIONAL?

Nachman MW, Crowell SL.
Estimate of the mutation rate per nucleotide in humans.
Genetics 2000; 156: 297-304.

Resumen: La tasa de mutaciones en los humanos es difícil de medir con precisión. Se han llevado a cabo estimaciones basadas en el examen de los mutantes visibles, pero esto solo proporciona una estimación de mínimos. Aquí la estimación de la tasa de mutación se basa en la comparación de los pseudogenes en los humanos y los chimpancés. Los resultados sugieren una tasa de mutación genómica de 175 mutaciones por genoma y generación. La tasa de mutaciones dañinas está estimado en 3 por genoma y generación. Si tales mutaciones dañinas tienen efectos multiplicadores, una hembra humana media necesitaría 40 descendientes para impedir que la especie se extinguiera. La solución a esta paradoja podría ser que

las mutaciones dañinas son más perjudiciales combinadas que estudiadas por separado.

Comentario: Algunas de las presuposiciones que este informe emplea son cuestionables. Por ejemplo, los cálculos estaban basados en la estimación de que el genoma humano tiene 70.000 genes, mientras que los estudios recientes han sugerido que esa cifra debería reducirse a la mitad. Sin embargo, otros estudios han apuntado una paradoja aparente en la supervivencia de la especie a pesar de la elevada tasa de mutaciones (ver, por ejemplo, el capítulo 9 de Remine WJ. The biotic message. St Paul (Minnesota): St Paul Science, 1993).

GEOQUÍMICA: FÓSILES POR SUSTITUCIÓN DE SÍLICE

Grimes ST, Brock F, Rickard D, Davies KL, Edwards D, Briggs DEG, Parkes RJ.
Understanding fossilization: experimental pyritization of plants. Geology 2001; 29: 123-126.

Resumen: Los fósiles piritizados conservan un excelente detalle de los tejidos. Entender el proceso de piritización podría ayudar en la interpretación de los fósiles. Se emplearon catorce condiciones experimentales pero la mineralización tuvo lugar solo en una de ellas, lo que indica que son necesarias unas condiciones altamente específicas. Tanto el material de *Platanus* como el de *Psilotum* se piritizaron con éxito. La piritización es causada por unas bacterias anaerobias y se puede observar en menos de 80 días. No se ob-

servó la sustitución directa de los materiales orgánicos y las moléculas de lignina permanecieron en el material piritizado.
Comentario: Reproducir las condiciones bajo las que se formaron los fósiles podría arrojar una valiosa luz sobre los procesos que tuvieron lugar durante el Diluvio bíblico.

Kidder DL, Erwin DH. Secular distribution of biogenic silica through the Phanerozoic: comparison of silica-replaced fossils and bedded chert at the series level. Journal of Geology 2001; 109: 509-522.

Resumen: De vez en cuando se encuentran fósiles en los que el material original ha sido sustituido por sílice. Se cree que la sílice procede de organismos vivos que la concentraron del agua del mar y la depositaron en sus esqueletos. Los principales organismos involucrados en la secreción de sílice son algunos tipos de esponjas, los radiolarios y las diatomeas. En el Fanerozico, la abundancia de los fósiles formados por sustitución con sílice es variable. La sustitución por sílice es observada en algo más del 20% de las faunas descritas en el Paleozoico, pero solo en el 4% de las faunas del Mesozico y del Cenozoico. Las faunas del Ordovícico Superior y del Devónico Medio están en correlación con los máximos de fósiles de esponjas silíceas. La alta sustitución por sílice es típica de los periodos que preceden a una extinción en masa y desciende en picado inmediatamente después de ella. Este patrón se observa en las extinciones en masa que tuvieron lugar durante el Ordovícico Superior, el Devónico Medio, el Pérmico Superior y el Cretácico Superior, pero no en las extinciones del Triásico Superior.
Comentario: Las tendencias en los patrones deposicionales de los sedimentos fanerozoicos pueden proporcionar con-

troles útiles para los modelos de la historia de la Tierra. Sería provechoso seguir analizando estos datos.

EXTINCIONES EN MASA: PÉRMICO SUPERIOR

Becker L, Poreda RJ, Hunt AG, Bunch TE, M. Rampino M.
Impact event at the Permian-Triassic boundary: evidence from extraterrestrial noble gases in fullerenes.
Science 2001; 291: 1.530-1.533.

Resumen: Los fulerenos son moléculas formadas con átomos de carbono dispuestos en una estructura en forma de jaula. Esa estructura en forma de jaula hace que sean capaces de atrapar otros materiales, tales como átomos de gases nobles. Se ha relacionado los fullerenos con impactos extraterrestres como el cráter precámbrico de Sudbury, en Canadá, y la capa de impacto del Cretácico Superior. Ahora se informa de su presencia en dos secciones límite entre el Pérmico y el Triásico localizadas en China y Japón. Los átomos de gases nobles encontrados en el interior de los fulerenos tienen composiciones isotópicas similares al material extraterrestre; lo que sugiere que entre el Pérmico y el Triásico tuvo lugar un impacto extraterrestre.

Jin YG, Wang Y, Want W, Shang QH, Cao CQ, Erwin DH.
Pattern of marine mass extinction near the Permian-Triassic boundary in South China. Science 2001; 289: 432-436.

Resumen: La sección del límite Pérmico-Triásico más conocida está en el sur de China. El análisis de sus sedimen-

tos muestra que una gran extinción en masa está relacionada con un incremento de microesférulas del orden de 100 a 1.000 veces. Esto sugiere la posibilidad de un impacto extraterrestre, si bien no se ha identificado satisfactoriamente ningún cráter de impacto.

Kaiho K, Kajiwara Y, Nakano H, Miura Y, Kawahata H, Tazaki K, Ueshima M, Chen Z, Shi GR. End-Permian catastrophe by a bolide impact: evidence of a gigantic release of sulfur from the mantle. Geology 2001; 29: 815-818.

Resumen: En el sur de China se encuentra una excelente secuencia deposicional que alcanza la transición del Pérmico al Triásico. El estrato de transición está identificado en una marga. El estrato de transición reposa sobre las últimas apariciones de muchos géneros de organismos marinos. A esta extinción en masa se asocia un incremento súbito del níquel y un incremento en sulfuros de isótopos ligeros. También se han encontrado partículas metamorfoseadas por impacto. Según la cantidad de material asociado al impacto, el objeto impactante podría haber sido un cometa de 15 a 30 km de diámetro o un asteroide de 30 a 60 km de diámetro.

Twitchett RJ, Looy CV, Morante R, Visscher H, Wignall PB. Rapid and synchronous collapse of marine and terrestrial ecosystems during the end-Permian biotic crisis. Geology 2001; 29: 351-354.

Resumen: En el este de Groenlandia existe una secuencia de transición entre el Pérmico y el Triásico que contiene organismos marinos y terrestres. En un corto intervalo de deposición, ambos grupos de organismos sufren una extinción en masa; lo que indica un colapso ecológico que involucró a ambos ecosistemas.

Smith RMH, Ward PD. Pattern of vertebrate extinctions across an event bed at the Permian-Triassic boundary in the Karoo Basin of South Africa. Geology 2001; 29: 1.147-1.150.

Resumen: En Karoo Basin se encuentra una secuencia deposicional que abarca toda la transición del Pérmico al Triásico. Los nuevos estudios sobre el terreno han llevado a la identificación de un estrato que marca al paso de una era geológica a la otra. Esa capa coincide con una extinción en masa de organismos terrestres e indica que, desde el punto de vista geológico, la extinción en masa fue más súbita que prolongada en el tiempo.

Ward PD, Montgomery DR, Smith R. Altered river morphology in South Africa related to the Permian-Triassic extinction. Science 2000; 289: 1.740- 1.743.

Resumen: En Karoo Basin, en Suráfrica, se puede observar un cambio que abarca toda la extensión de la cuenca en la facies sedimentaria de la transición Pérmico-Triásico. Tal cambio se interpreta como el reflejo de un incremento len las tasas de sedimentación de toda la cuenca debido a un cambio en los sistemas fluviales, que dejaron de estar organizados en meandros para convertirse en redes de canales. En la transición del Pérmico al Triásico se infiere una elevada mortandad de la vegetación a escala mundial.
Comentario: Las causas de las *extinciones en masa* no están bien explicadas. Resulta difícil entender la selectividad de las *extinciones en masa*. Es fácil llegar a la conclusión de que un impacto lo suficientemente amplio como para destruir todos los individuos de varias especies en todo el globo pueda destruir virtualmente todos los organismos macroscópicos. A pesar de que se carece de la evidencia definitiva que demuestre un impacto en el Pérmico Superior, esa posibilidad resulta muy atractiva.

PALEOBIOGEOGRAFÍA: MAMÍFEROS DE MADAGASCAR

Krause DW.
Fossil molar from a Madagascan marsupial.
Nature 2001; 412: 497-498.

Resumen: En Madagascar, en la formación Maevarano del Cretácico Superior, se ha encontrado el fósil de un diente de marsupial. Es el primer fósil de marsupial encontrado en Madagascar, y el más antiguo que se conoce perteneciente a un mamífero de ese orden. La moderna fauna de mamíferos de Madagascar parece no estar relacionada con los fósiles del Cretácico descubiertos en un lugar tan remoto. Puesto que se cree que Madagascar se convirtió en isla durante el Cenozoico, la moderna fauna de mamíferos se debe haber dispersado cruzando el mar.

Marivaux L, Welcomme J-L, Antoine P-O, Metais G, Baloch IM, Benammi M, Chaimanee Y, Ducrocq S, Jaeger J-J. A fossil lemur from the Oligocene of Pakistan.
Science 2001; 294: 587-591.

Resumen: Los lemures están confinados en Madagascar, aunque en esa isla apenas se encuentran registros fósiles de lemur y se desconoce de su existencia en ninguna otra parte. Aquí se informa de un fósil de lemur encontrado en la formación Chitarwata del Oligoceno Inferior, en las colinas Bugti de Pakistán. Sorprendentemente, el fósil parece estar más relacionado con la familia *Cheirogaleidae*, actualmente vivos, que con el linaje ancestro de los lemures.

Comentario: El origen de la fauna de mamíferos de Madagascar sigue siendo un misterio. La aparente falta de conexión entre el Cretácico y los mamíferos actuales es un problema, puesto que se cree que Madagascar ha estado aislada desde el Cretácico.

PALEONTOLOGÍA: EXPLOSIÓN EN EL CÁMBRICO

Siveter DJ, Williams M, Waloszek D.
A phosphatocopid crustacean with appendages from the Lower Cambrian. Science 2001; 293: 479-481.

Resumen: En las rocas del Cámbrico Inferior de Inglaterra se encuentra un fósil de crustáceo que se solía considerar un tipo extinguido de ostrácodo, pero que actualmente se cree que pertenece a un grupo hermano de todos los crustáceos modernos. Esto añade diversidad al Cámbrico Inferior.

Shu D-G, Conway Morris S, Han J, Chen L, Zhang X-L, Zhang Z-F, Liu H-Q, Li Y, Liu J-N. Primitive deuterostomes from the Chengjiang Lagerstatte (Lower Cambrian, China). Nature 2001; 414: 419-424.

Resumen: Algunos fósiles que representan un mínimo de cuatro distintos taxones han sido clasificados como un nuevo *filum*. Los fósiles se encontraron en la formación Quiongzhusi (Chiungchussu) del Cámbrico Inferior, en la región de Chengjiang, en China. El nuevo *filum* ha recibido el nombre de *Vetulicolios* y se piensa que comparte características con los equinodermos, cordados y semicordados.

Shu D-G, Chen L, Han J, Zhang X-L. An Early Cambrian tunicate from China. Nature 2001; 411: 472-473.

Resumen: Se ha identificado un fósil de 2,5 cm de longitud procedente de China como un tunicado, de morfología parecida a los actuales *Stylea*, aunque se clasificó en un grupo diferente. Los fósiles de tunicados son raros, aunque esta no es la primera vez que se encuentra un tunicado en el Cámbrico **Comentario:** Los descubrimientos enfatizan la magnitud de la *explosión cámbrica* y la utilidad de explicar la aparición súbita de especies que indican ancestros separados.

PALEONTOLOGÍA: RESTOS ORGÁNICOS DEL EDIACARIENSE

Steiner M, Reitner J.
Evidence of organic structures in Ediacara-type fossils and associated microbial mats. Geology 2001; 29: 1.119-1.122.

Resumen: Los fósiles del Ediacariense se conocen, principalmente, por las huellas dejadas en las areniscas de grano fino. Se han registrado fósiles del Ediacariano que habían conservado restos orgánicos en rocas arcillosas del Neoproterozoico en las formaciones de Doushantuo y Liulaobei, en China. Algunos de los fósiles están piritizados. El gran detalle de estos fósiles sugiere que los organismos originales no estaban relacionados con los metazoos, sino que eran similares a las mixobacterias, un grupo poco conocido de bacterias que vivían en colonias. Las superficies rugosas asociadas a algunos fósiles ediacarienses se iden-

tifican como mantos microbianos. Aunque algunos fósiles ediacarienses podrían ser realmente metazoos, al menos algunos de ellos no lo son. La fauna ediacariense es, probablemente, polifilética.
Comentario: Los fósiles ediacarienses han sido interpretados de maneras muy diversas: ancestros de un *filum* vivo, un grupo extinguido carente de relación con forma viviente alguna o, sencillamente, sin identificación. Este documento añade variedad a las interpretaciones.

PALEONTOLOGÍA: CALIDAD DEL REGISTRO FÓSIL

Alba DM, Agustí J, Moya-Solà S.
Completeness of the mammalian fossil record in the Iberian Neogene. Paleobiology 2001; 27: 79-83.

Resumen: Se estudió la totalidad del registro fósil de mamíferos del Neogeno en la península Ibérica. Las conclusiones fueron que el registro fósil refleja más del 75% de todas las especies de mamíferos del Neogeno y más del 90% de todos los géneros. Estas cifras son similares a las estimadas a partir de la totalidad del registro de los invertebrados marinos. Estos resultados generan dudas sobre la importancia de una deposición episódica en esa área.
Comentario: La calidad del registro fósil ha sido discutida largamente; muchas de las discusiones sobre la historia de la Tierra dependen de la aceptación de que el registro esté completo o incompleto. A medida que nuestro conocimiento del registro fósil se vuelve más y más completo, la probabilidad de encontrar fósiles transicionales se reduce.

Kidwell SM. Preservation of species abundance in marine death assemblages. Science 2001; 294: 1.091-1.094.

Resumen: La cuestión que aquí se explora es si el registro fósil de los moluscos marinos conserva suficiente información como para inferir qué especies fósiles eran más comunes. Se extrajeron muestras de acumulaciones naturales de caparazones de moluscos y se compararon con grupos vivos de las mismas localidades. Los resultados indican que, si se excluyen los caparazones de menos de 1 mm y si se cuentan al menos 100 especímenes, el orden según el criterio de abundancia se mantiene en los grupos que mueren por muerte natural. La acumulación de caparazones de moluscos muertos incluye todas las especies que habitan el área con un incremento de aproximadamente un 20%.
Comentario: Este resultado no parece sorprendente ya que los caparazones de moluscos son muy resistentes. Estos resultados confirman que es de esperar que el registro fósil sea excelente en el caso de grupos tales como los moluscos con caparazón.

FILOSOFÍA DE LA CIENCIA

Murray BG.
Are ecological and evolutionary theories scientific? Biological Reviews 2001; 76: 255-289.

Resumen: Las generalizaciones científicas pueden ser de dos tipos. Un tipo se refiere a aquello que es observable y es inductivo. La ley de Boyle es un ejemplo. El segundo tipo

se refiere a lo que no es observable y es deductivo. Ejemplo de ello son las leyes del movimiento de Newton. La biología tiene muchos ejemplos del primer tipo, como el principio de Bergmann, y muy pocas del segundo. La mayoría de los estudios del método científico han preferido centrar su atención en el método deductivo, favorecido por la física, antes que en el método inductivo empleado por los biólogos. Por esa razón, es preciso profundizar en los estudios biológicos para evaluar su estatus científico. La cuestión central es si las hipótesis relacionadas con fenómenos no observables pueden ser consideradas científicas si de ellas no se pueden deducir hechos empíricos. La biología teórica (en oposición a la biología experimental), tal como la adecuación, la selección natural y la teoría ecológica, adolece de leyes universales y teorías predictivas. Por esa razón, no es científica. Sin embargo, podría convertirse en científica si desarrollara teorías predictivas. Se propone un ejemplo en el cual se construyen tres *leyes* para predecir diferencias en los rasgos de la historia de la vida de distintas especies. Tales leyes tienen un poder predictivo, lo que las hace susceptibles de comprobación y científicas. La biología teórica (explicativa) no es científica.

Comentario: El contraste entre la predicción deductiva y la descripción inductiva es de los que requieren una consideración más amplia a la hora de discutir los problemas planteados al respecto de la historia de la Tierra. Tal como apunta este artículo, la estructura lógica de las conclusiones sobre la historia de la Tierra puede ser diferente en sus fundamentos de la estructura lógica empleada en los laboratorios experimentales, en los que se ha establecido la reputación de la ciencia. La mayoría de los estudios sobre la historia de la Tierra carecen de información sobre las condiciones y los controles iniciales, herramientas ambas que dan a la ciencia experimental su gran poder.

RADIOHALOS Y GRANITO

Armitage M.
New record of polonium radiohalos, Stone Mountain granite, Georgia (USA). Creation Ex Nihilo Technical Journal 2001; 15 (1): 86-88.
Walker T.
New radiohalo find challenges primordial granite claim. Creation Ex Nihilo Technical Journal 2001; 15: 14-16.

Resumen: Stone Mountain es una colina de granito intrusivo situada cerca de Atlanta, Georgia. Basándose en las relaciones con el terreno, los creacionistas han interpretado que el levantamiento de Stone Mountain tuvo lugar durante el Diluvio, quizás durante sus últimas fases. No parece haber sido originada en su actual emplazamiento. Hay evidencias de metamorfismo por contacto, lo que sugiere que el material granítico podría haber sido fundido en el momento de su emplazamiento. Se han encontrado radiohalos en el granito de Stone Mountain. Tomado su tamaño como base, es probable que se produjeran por polonio-210. Si los radiohalos se hubiesen creado en la roca original, se habrían destruido completamente con la fusión. Por ese motivo, los radiohalos existentes deben haber sido generados durante o después del Diluvio. Esto refuta la afirmación que hacen algunos creacionistas de que los granitos son rocas primordiales que llegaron a nuestros días desde la Creación.
Comentario: Este informe viene a añadirse a otras evidencias que contradicen la afirmación de que algunos granitos son parte de las rocas creadas originalmente (p. ej., ver *Origins* 15: 32-38).

ESPECIACIÓN

Ryan MJ.
Food, song and speciation. Nature 2001; 409: 139-140.
Comentario sobre: Podos J. Correlated evolution of morphology and vocal signal structure in Darwin's finches. Nature 2001, 409: 185-188.

Resumen: La investigación sobre los pinzones de las islas Galápagos sugiere que el tamaño del pico puede afectar a ciertos aspectos del canto de los pájaros. Los pájaros con un pico mayor tienden a tener una tasa de trino menor. Puesto que el canto de los pájaros es importante en el cortejo, es plausible que los cambios en el tamaño del pico puedan contribuir a la especiación a causa de los cambios en las características del canto. Este fenómeno puede verse reforzado por cambios en los hábitos alimenticios. El sonido también es importante en el cortejo de las ranas y la variación en la recepción del sonido parece tener relación con el número de especies de ranas. Queda por ver si las tasas de especiación en los pájaros cantores pueden ser ligadas definitivamente a la estructura del pico, al canto, y a los hábitos alimenticios, aunque parece posible.
Comentario: El canto de los pájaros en parte se hereda y en parte se aprende. La variabilidad en ambos componentes podría potenciar el proceso de especiación y ayudar a explicar el gran número de pájaros cantores.

Sato A, Tichy H, O'hUigin C, Grant PR, Grant BR, Klein J. On the origin of Darwin's finches. Molecular Biology and Evolution 2001; 18: 299-311.

Resumen: Los pinzones de las Galápagos parecen estar relacionados claramente con los pinzones de Sudamérica, pero el pariente más cercano no ha sido identificado de manera concluyente. Se compararon secuencias de ADN mitocondrial de 28 especies que representan los grupos principales de la familia de los *Fringillidae* (incluidos los *Emberizidae* y los *Icteridae*). Los pinzones de las Galápagos se agruparon con el tordillo (*Tiaris obscura*), que se encuentra desde el noroeste de Venezuela hasta el noroeste de Argentina. En Sudamérica y las Indias Occidentales se encuentran otras especies estrechamente relacionadas. El origen de los pinzones de las Galápagos puede estar relacionado con el establecimiento del istmo de Panamá, que conecta Norteamérica con Sudamérica.

Comentario: Los pinzones muestran un gran poder de dispersión y su hábitat es el Caribe, así como Centro y Sudamérica. Quizá no debería sorprender que algunos también hayan llegado a las islas Galápagos.

COMENTARIOS BIBLIOGRÁFICOS

Invitamos a nuestros lectores para que nos envíen sus comentarios sobre bibliografía actual relacionada con los orígenes. Sus contribuciones deberán ser enviadas a: Origins, Geoscience Research Institute, 11060 Campus St., Loma Linda, California 92350 USA. Nuestra institución no distribuye las publicaciones comentadas. De estar interesados en ellas, los lectores deberán ponerse en contacto directo con el editor.

Creation Reconsidered: Scientific, Biblical, and Theological Perspectives. James L. Hayward, ed. 2000. Roseville (California): Association of Adventist Forums, 2000. 384 págs. Documento, $19.95.

Comentado por Paul Giem, Loma Linda, California.

Este libro surgió de una convención organizada en 1985 por la *Association of Adventist Forums*, en West Yellowstone, Montana. En él se reimprimen varios documentos que algunos autores adventistas del séptimo día presentaron en dicha convención, juntamente con un ensayo de A. N. Whitehead que fue la lectura recomendada. Entre los autores se encuentran teólogos (p. ej. R. F. Cottrell, F. Guy y J. W. Provonsha) y científicos (p. ej., P. E. Hare, R. M Ritland, S. C. Rowland y R. E. Taylor).

El tema de la convención y, por ende, del libro es el concepto de la creación. Quizá el único punto en que el libro parece cohesionado es que todos los autores creen que la ciencia ha

probado que la vida en la Tierra existe desde hace millones, sino miles de millones, de años, y que la teología deberá amoldarse a este hecho. Este libro es, con toda probabilidad, la exposición más completa de esa posición que haya sido hecha por adventistas del séptimo día. El libro está dividido en dos partes principales. Los primeros 14 capítulos tratan de las evidencias científicas y los siguientes 12, incluido el de Whitehead, tienen que ver con la teología. También hay un poema final (capítulo 27) y una conclusión, así como una introducción y una dedicatoria a R. M. Ritland, presente en buena parte del libro. Cuatro capítulos y casi una cuarta parte de las páginas están escritos por Ritland. El estilo es agradable y llano, sorprendente por tratarse del volumen de un simposio.

El libro presenta algunos buenos argumentos. Los dos capítulos de Ritland sobre la historia de la teología (capítulos 2 y 3) argumentan de modo indirecto aunque eficiente a favor de su punto de vista. Ritland, en las páginas 31 y 32, también pone de manifiesto: *a)* la ausencia de muchas formas de vida modernas (por ejemplo, peces teleósteos) en los depósitos más tempranos; *b)* la creciente abundancia de formas extinguidas con la antigüedad de los depósitos; y *c)* las enormes cantidades de biomasa, alguna bien conservada y en apariencia sin haber sufrido transporte alguno a grandes distancias según se puede inferir de la preservación de la estructura fina. El capítulo 8, de R. E. Taylor es una explicación muy clara y bien presentada sobre el método de datación del carbono 14 y el desafío que presenta a los creacionistas partidarios de la idea de que la vida lleva poco tiempo sobre la Tierra.

Algunos argumentos son razonables, si bien no tienen toda la fuerza que el libro les atribuye. En el capítulo 12, el autor pone de manifiesto que los mamíferos del Cenozoico en Sudamérica son endémicos, que con el tiempo divergieron de la fauna africana y que en Sudamérica también se encuentran familias de aparición más tardía en Norteamérica. La ex-

plicación que da a este modelo es que actuaron combinadamente la evolución y la tectónica de placas. Este modelo se acopla bien a algunos datos, pero es de comprobación especialmente difícil. También cree (pág. 127) que la evolución hasta el nivel de la familia requiere un largo periodo de tiempo. Compara la flora y la fauna de Gran Bretaña, establecida al final de la era glacial y similar a la del continente, con la de Japón y las islas Hawai. No obstante, el ejemplo de los perros sugiere que el cambio dentro del nivel de una familia puede suceder rápidamente, al menos si se dan las condiciones idóneas. La diferencia morfológica entre bulldogs, galgos y caniches es, cuando menos, tan grande como la existente entre lobos, coyotes y zorros, y se dio en los últimos milenios.

Por otra parte, en la mayoría del libro no parece claro cuál es la cuestión tratada. El autor del capítulo 4 no indica qué relación tiene la tectónica de placas con la controversia evolución-creación. Lo mismo se aplica a la discusión de la datación de huesos con el carbono-14 (págs. 94-97). El capítulo sobre arrecifes fósiles (10) es corto y tanto la argumentación como la documentación son pobres. El capítulo 11 tampoco está bien documentado. El argumento que compara los *bosques* fósiles de Yellowstone con los de John Day (pág. 158), de hecho, podría ser empleado contra la opinión del autor.

El libro no presenta una posición integrada; ni siquiera unificada. Los capítulos 16 a 19, y el 21, que tratan de teología, no recomiendan ninguna posición con claridad; si bien el hecho de que aparezcan en este libro sugiere que, sin lugar a dudas, los autores sí han tomado posición al respecto. Por ejemplo, en la página 251, el autor indica: «Su propósito [el de los autores bíblicos] era, por lo tanto, apologético e histórico»; aunque nunca explica qué entiende por histórico. Continúa diciendo que «Este trabajo considera los capítulos 1 y 2 del Génesis, por lo tanto, desde el punto de vista cristiano como los datos más antiguos de los que se dispone sobre la creación…» (pág.

252). En la nota 4 de la página 261 afirma que considera «la autoría mosaica del Génesis», lo que contradice sus afirmaciones posteriores. Sin embargo, en su conclusión escribe «Me gusta vivir en el misterio y la ambigüedad» (pág. 261). Uno de los autores (págs. 32-34) desaprovecha una oportunidad de oro para argumentar, o al menos exponer, una posición definida. En las páginas 19-20, donde S. C. Rowland parece convertirse en supernaturalista, encontramos una excepción. Aquí presenta la conjetura de que, mientras Adán y Eva vivían de acuerdo con los designios de Dios, en la Tierra había pocos microbios y el diablo se enzarzó en experimentos de ingeniería genética durante mil millones de años aproximadamente. El autor pone su empeño en dejar muy claro que dicha teoría tampoco le merece mucha credibilidad.

El libro no suele citar bibliografía creacionista y, cuando lo hace, parece anticuada. En parte se puede explicar por el hecho de que los artículos fueron presentados en agosto de 1985. Según J. L. Hayward (pág. 14), algunos artículos han sido actualizados y otros no. Uno de los autores, en apariencia, sigue atacando a George McReady Price; lo que le lleva a una falacia cuando rechaza la columna geológica en «*Creation in six literal, 24-hours days*» (pág. 32). Su segunda categoría, «*Ecological Zonation*», acepta una creación en seis días literales de 24 horas. Sin embargo, de algún modo ve la primera posición como la "auténtica" posición creacionista. De modo similar, otro autor (pág. 119) parece que aún combate los «intentos de obviar las pruebas de una era glacial». El capítulo 6, en el que se discute la datación radiométrica, hace caso omiso de los trabajos de John Woodmorappe y de quien suscribe este comentario. El trabajo del autor de estas líneas (1997) es relativamente reciente y no muy conocido, pero el trabajo de Woodmorappe (1979) ya tiene una cierta antigüedad y merece, al menos, que se le haga una cierta mención. El capítulo 9, sobre la datación por aminoácidos, no cita el excelente artícu-

lo de R. H. Brown (1985) sobre las *constantes* de racemización de aminoácidos.

El autor de este comentario encontró dos excepciones a esta obervación. En la página 77 se cita a R. V. Gentry (1986) y el autor del capítulo parece haber leído el artículo que Gentry publicó en Science el año 1976, si bien parece desconocer la importancia de ese artículo. En la página 92, el autor, aunque indirectamente, recoge la afirmación de Giem (1997) de que parece que se ha detectado carbono residual en muestras geológicamente antiguas, cosa que no debería suceder.

El libro tiende a obviar las dificultades teológicas e históricas. En la página 48 el autor pone de relieve que Buckland intentó resolver el problema del dolor y el sufrimiento en los animales, pero no comenta si tuvo o, mejor dicho, no tuvo éxito. El capítulo 20 reconoce que «Si *[kol-ha'arets]* fuese el único sintagma que implicase la universalidad en la narrativa [del Diluvio], sería muy fácil de eliminar. No obstante, otras numerosas expresiones que denotan universalidad implican, casi con toda seguridad, que en el relato del Diluvio *kol-ha'arets* venía a expresar algo parecido a la universalidad inclusiva de la totalidad –desde el punto de vista limitado del mundo antiguo–» (págs. 270-271). El autor fracasa a la hora de dar un modelo en el que los acontecimientos históricos puedan ser interpretados por testigos racionales del modo descrito en los capítulos 6-9 del Génesis. También hace caso omiso del hecho de que el arca, según el relato, se posó en los montes Ararat, o Urartu. Si fuera cierto, este hecho debería haber dejado trazas geológicas que ni siquiera intenta considerar.

Esto mismo se aplica a otro autor que afirma: «Elevar al relato del Diluvio a la categoría de doctrina bíblica, o sugerir que doctrina alguna dependa de él, es una falacia» (pág. 286). Simplemente se olvida el uso aparentemente no crítico que Jesús hacía de la historia del Diluvio. En un capítulo titulado de modo extraño, «*The reverse of Mark 2: 27*», un teólogo argu-

menta que el sábado no necesita apoyarse en una creación de seis días. Sin embargo, se olvida de la pregunta más importante: ¿Puede sostenerse el sábado ante la negación de una creación en seis días?

La excepción más importante a toda esta evasión de dificultades teológicas es el capítulo 23. J. W. Provonsha aborda sin ambages el problema del sufrimiento en un hipotético mundo preadánico; y llega a conclusión de que la única opción teológica realista, caso de que la columna geológica se extienda más allá de Adán, es que las formas de vida que esta registra son, esencialmente, de origen demoníaco. Provonsha pone un ejemplo convincente a favor de su posición.

En algunas ocasiones el tono del libro es condescendiente. El capítulo 25 parece afirmar de modo implícito que los creacionistas partidarios de la idea de que la vida lleva poco tiempo sobre la Tierra se encuentran en un nivel de madurez espiritual más bajo que aquellos que aceptan una presencia de la vida en nuestro planeta más larga. La conclusión (pág. 350) también ilustra esta actitud condescendiente. El escritor deja entender que el conservador es un «hermano más débil» que «aún sigue con una dieta a base de biberones y papillas» y todavía «no ha avanzado hacia una dieta sólida». Este libro también puede ser triunfalista, tal como sucede con algunos comentarios de la página 13, así como con los comentarios de Ritland (pág. 7). En algunos de esos pasajes, se denigra a sus colegas más conservadores de un modo nada elegante, en opinión de quien suscribe este artículo.

Algunos trabajos muestran una falta de imaginación científica. Por ejemplo: uno de los autores (pág. 66) pone de manifiesto que los carbonatos modernos se depositan en las aguas limpias. Al menos, es posible que los depósitos procedentes del Diluvio no fuesen estrictamente análogos a los modernos. Lo mismo se aplica a la halita (pág. 69), que puede indicar modos de deposición no operativos en nuestro tiempo. Otro autor (pág.

107) da por sentado que el fondo del océano siempre ha estado a una temperatura de 1º o 2º C. La mayoría de los modelos diluviales apuntarían decididamente hacia un fondo del océano cálido, cuando no caliente. Un tercer autor (pág. 275) pide que alguien le «explique dónde fue a parar toda el agua necesaria para cubrir el Everest en tan solo siete meses (Gén. 8: 1-14).» Los modelos creacionistas convencionales llegan a la conclusión de que el Everest surgió durante el Diluvio, por lo que las tierras mucho más bajas inicialmente pudieron ser cubiertas con mucha más facilidad por el agua. Algunas partes del libro usan las Escrituras de modo muy inconsistente; y lo mismo sucede con Ellen White (p. ej., el capítulo 15) y la historia reciente (p. ej., pág. 13). En algunos puntos, el razonamiento teológico podría mejorarse, tal como sucede con el capítulo 22.

En el capítulo 3, de modo no intencionado, aparece una cuestión interesante. Se cuenta la historia de William Buckland y el autor muestra cómo la aceptación de las eras previas (incluso con una creación específica para cada una de ellas) le condujo gradualmente al abandono de cualquier tipo de geología diluviana; y probablemente siga conduciendo a ello. Cuando empezó, Buckland no pensaba que fuera a abandonar la idea de la historicidad del Diluvio, pero al final lo hizo. Aquellos que se sientan tentados a seguir sus pasos puede que deseen considerar el destino final.

Este libro fue un tanto desconcertante para quien suscribe este comentario, que esperaba poder leer un documento científico escrito con precisión que, de tras una evaluación reflexiva de las distintas alternativas, intentase ser objetivo. En su lugar, muestra poco rigor en su pensamiento, poca comprensión de los puntos de vista opuestos, escasa conciencia de sus debilidades y un tono demasiado triunfalista. Tenía pocas consideraciones por hacer y por ello es útil. El capítulo de Provonsha es digno de mención; pero, en general, no se acerca al libro que debiera haber sido.

BIBLIOGRAFÍA CITADA

Brown RH (1985). Amino acid dating. Origins; 12: 8-25.
Gentry RV (1986). Creation's tiny mystery. Knoxville (Tennessee): Earth Science Associates.
Giem PAL (1997). Scientific theology. Riverside (California): La Sierra University Press.
Woodmorappe J (1979). Radiometric geochronology revised. Creation Research Society Quarterly; 16: 102-129

Ratzsch D. Science and Its Limits. (Philosophy of Science, 2ª ed.). Downer's Grove (Illinois): InterVarsity Press, 2000. 191 págs. Documento, $14.00.

Comentado por *L. James Gibson*

El libro *Philosophy of science* de Del Ratzsch estuvo agotado durante años. El texto que aquí se comenta es una edición revisada a la que se le ha dado un nuevo título. Es especialmente bienvenida porque enfoca un tema importante desde un punto de vista cristiano, una perspectiva muy necesaria.

Los libros de filosofía pueden ser densos y abstrusos. No es este el caso. Motivo de ello es que el libro no es muy extenso y los capítulos no son demasiado largos. La legibilidad está mejorada por el estilo, que es informativo, claro y distendido.

Los diez capítulos pueden ser agrupados fácilmente en tres temas. Los primeros cuatro capítulos describen qué es la ciencia y cómo han cambiado las concepciones de la ciencia, desde Francis Bacon, pasando brevemente por las teorías del positivismo, el falsacionismo de Popper, el postempirismo de Kuhn y la visión actual, que intenta llegar a un compromiso entre las distintas filosofías históricas. La objetividad, la racionalidad y el empirismo están aceptados en una mayor medida que en la filosofía de Kuhn, pero sus limitaciones están mucho más reconocidas que en el antiguo régimen positivista.

Los capítulos 4 y 5 desarrollan el enfoque actual de la ciencia mediante el comentario de sus puntos débiles y sus puntos fuertes. Se acepta que la ciencia es más real (las teorías se refieren a la realidad) que irreal (las teorías son únicamente simbólicas), pero se reconocen las limitaciones. Las teorías no pueden ser verdaderas o falsas, pero pueden considerarse una verdad aproximada si explican satisfactoriamente los fenómenos naturales o si, en su defecto, parecen explicarlos. Entre las

limitaciones de la ciencia se encuentra la posibilidad de proporcionar explicaciones definitivas de los orígenes y el propósito de la naturaleza. La ciencia tampoco es una fuente fiable de información en el campo de la ética. Aunque sea posible aplicar el reduccionismo a cierto tipo de problemas, puede no ser indicado para otros.

Los últimos cuatro capítulos tratan sobre el modo en que interactúan la ciencia y la religión. Las disputas entre ciencia y religión no versan sobre las pruebas, sino sobre las normas de interpretación. En un nuevo capítulo, añadido en esta segunda edición, se analiza el movimiento del diseño inteligente. El diseño es una idea perfectamente racional que sigue pendiente de determinar si funciona como idea científica. Los cristianos han contribuido mucho a la ciencia, pero tienden a considerarla como un medio para llegar al conocimiento, mientras que los científicos no cristianos tienden a ver la ciencia como el único modo real de obtener conocimiento. La ciencia y el cristianismo tienen distintos objetivos pero no están en compartimentos estancos. Sus campos de trabajo se solapan parcialmente. La ciencia cristiana y la no cristiana pueden ser muy similares en contenidos, pero pueden ser muy distintas en la importancia que los miembros de ambos grupos otorgan a esos contenidos. El libro termina con un llamamiento a los cristianos para que discutan sus diferencias en un espíritu de amor cristiano.

El autor de este comentario recomienda este libro por considerarlo el punto de partida de las cuestiones capitales en el desarrollo de una filosofía cristiana de la ciencia. Debería ser libro de texto en las clases de ciencia y religión.